



**Universidade Federal de Sergipe**  
**Campus do Sertão**  
**Núcleo de Graduação de Agronomia**



**MAISA NASCIMENTO CARVALHO**

**SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO COM POTENCIAL FORRAGEIRO NO ALTO  
SERTÃO SERGIPANO: UMA ABORDAGEM MULTIVARIADA**

**Trabalho de Conclusão de Curso**

**Nossa Senhora da Glória/SE**  
**Fevereiro de 2020**



MAISA NASCIMENTO CARVALHO

**SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO COM POTENCIAL FORRAGEIRO NO  
ALTO SERTÃO SERGIPANO: UMA ABORDAGEM MULTIVARIADA**

Trabalho de Conclusão do Curso de Graduação  
em Engenharia Agrônômica da Universidade  
Federal de Sergipe, como requisito parcial à  
obtenção do título de bacharel em Engenharia  
Agrônômica.

Orientador: Prof. Dr. Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira

Nossa Senhora da Glória/SE

Fevereiro de 2020



MAISA NASCIMENTO CARVALHO

**SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO COM POTENCIAL FORRAGEIRO NO ALTO  
SERTÃO SERGIPANO: UMA ABORDAGEM MULTIVARIADA**

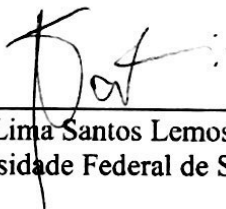
Este documento foi julgado adequado como requisito parcial à obtenção do título de bacharel em Engenharia Agrônômica.

Aprovado em: 13/02/2020


Banca examinadora:



Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira, Doutor  
Universidade Federal de Sergipe



Nailson Lima Santos Lemos, Doutor  
Universidade Federal de Sergipe



Tâmara Rebecca Albuquerque de Oliveira, Doutora  
Universidade Estadual do Norte Fluminense



## **Agradecimentos**

A Deus, por ter me conduzido até aqui, pelo dom da vida, sabedoria, saúde, força para superar as dificuldades, pela minha família e amigos.

Aos meus pais, Gildásio e Veranilza, por serem exemplo, na fé, na educação, paciência, companheirismo e amor. Por todo incentivo aos meus estudos, desde o início da minha vida procuraram me dar a melhor educação, por todo apoio incondicional e todo amor que sentem por mim, aos senhores minha eterna gratidão.

Ao meu irmão Joatan, por todo apoio, companheirismo e alegria durante todos esses anos de vida.

Ao meu namorado Artur, que se fez presente desde o início da minha entrada na universidade, agradeço por todo amor, carinho, apoio, companheirismo, paciência e por todos os momentos de felicidade. Agradeço também ao cuidado e o carinho da sua família.

Aos meus tios e tias, primos e primas, avós e avôs, que me acolheram, deram apoio e sempre que possível me auxiliaram nas idas e vindas da rota Poço Verde – Glória, a todos, minha gratidão.

Em especial ao meu tio Bismarck (in memoriam), que não pode acompanhar presencialmente esta vitória, mas sempre senti a sua presença espiritualmente me apoiando.

Aos meus afilhados Ícaro Bismarck e Maria Laura, por trazerem sempre a alegria e paz de criança, sempre renovam as minhas forças para dar continuidade a caminhada.

A Universidade Federal de Sergipe, por tantos conhecimentos e ensinamentos, para que chegasse ao tão sonhado título de Engenheira Agrônoma.

A todos meus professores, que desde o Ciclo I se fizeram presente e procuraram, sempre o melhor desenvolvimento dos alunos, saiba que serão sempre inspiração para nós.

Aos meus orientadores de iniciação científica Nailson, Ligia e Gustavo Hugo, por tanta paciência e por me ensinar o caminho da pesquisa, saiba que serei sempre grata.

Ao meu orientador de iniciação científica, estágio e TCC, Gustavo Hugo a quem sentou comigo, explicou e foi inspiração para seguir o caminho da Genética e Melhoramento de Plantas, obrigada por toda paciência e ensinamentos.

A todos que fazem parte do GEMS, que auxiliaram na implantação e condução dos experimentos que resultarão em artigos e monografias.

Aos meus amigos e agora colegas de profissão, Vanessa, Nivia, Mayk, Wallison, William, Evandro, Erimateia e Ericlis. Pelos dias que partilhamos as dificuldades, os assuntos e materiais de estudos, como também pela alegria, amizade e companheirismos construídos ao longo desses anos.

As minhas amigas, Letícia e Mariany, que foram além de dividir contas, mas sim dividir momentos de aflição e momentos de vitória, lembro de vocês com muito carinho e felicidade, obrigada por toda convivência e amizade.

Aos meus vizinhos, Victor Brenno, Mayk e Wallison, por tantos momentos de alegria, de companheirismo e sempre se preocupar conosco, guardarei sempre vocês como bons amigos.

Aos meus amigos Natália, Rafaelle, Daniel, Álvaro, Lavinia e a todos que se fizeram presente nessa caminhada de Universidade.





## Índice

<b>RESUMO .....</b>	<b>12</b>
<b>ABSTRACT.....</b>	<b>13</b>
<b>CAPITULO I – Considerações Gerais .....</b>	<b>14</b>
1. Introdução.....	14
2. Revisão Bibliográfica .....	15
2.1 Milho Forrageiro .....	15
2.2 Análise Multivariada.....	17
3. Literatura Citada .....	19
<b>CAPITULO II – <i>GT Biplot</i>: Seleção de genótipos de milho com potencial forrageiro em região Semiárida .....</b>	<b>22</b>
1. Introdução.....	22
2. Metodologia.....	23
2.1. Local e Clima .....	23
2.2 Delineamento experimental e condução do experimento .....	23
2.3 Variáveis analisadas.....	26
2.4 Análises estatísticas. ....	27
3. Resultados e Discussão.....	28
4. Conclusões.....	35
5. Literatura Citada .....	36
<b>CAPÍTULO III – Formação de blocos de cruzamentos em genótipos de milho com potencial forrageiro .....</b>	<b>38</b>
1. Introdução.....	38
2. Metodologia.....	39
2.1. Local e Clima .....	39
2.2 Delineamento experimental e condução do experimento .....	39
2.3 Variáveis analisadas.....	42

2.4. Análises estatísticas .....	44
3. Resultados e Discussão.....	45
4. Conclusões.....	53
5. Considerações Finais.....	53
6. Literatura Citada .....	54

## RESUMO

O Nordeste é caracterizado como uma região que possui baixo índice pluviométrico, o que dificulta a produção agrícola. Na bovinocultura leiteira, principal atividade exercidas pelos produtores da região do Alto Sertão Sergipano, um dos principais alimentos utilizados na nutrição animal é o milho, tanto em forma de grão quanto de silagem. Este último, traz as características de um alimento volumoso onde possui boa aceitação e alta nutrição para os animais, sendo a principal alimentação oferecida durante o período de escassez de água. Dessa forma, objetivou selecionar genótipos de milho com potencial forrageiro no alto sertão sergipano. O experimento foi implantado no município de Graccho Cardoso – SE, na Fazenda Experimental da Embrapa Semiárido. O delineamento utilizado foi blocos incompletos em Látice quadrado 6x6, utilizando 36 tratamentos (genótipos). Cada parcela experimental tem duas linhas de 4 metros espaçadas de 0,20 x 0,80 representando o stand final de 55.000 plantas por hectare. O plantio foi realizado a 10 cm de profundidade com uma semente por cova. Não foi feito uso de irrigação. Na adubação de fundação foi utilizado o fertilizante 10-30-10 e na adubação de cobertura o sulfato de amônio, realizou-se a aplicação de inseticida e herbicida. Foram feitas análise de variância e gráficos biplot para as variáveis altura de planta, diâmetro do colmo, peso de planta, peso médio de massa fresca, peso médio de massa seca, índice de massa seca e peso de forragem. Esta última possibilitou observar que houve genótipos mais responsivos para as variáveis estudadas, como também observar a correlação das variáveis. Portanto os genótipos HTC795 (14) e HIV 473451 (33), foram selecionados como genótipos propícios a serem usados na região do Alto Sertão Sergipano. Também foi realizada análises para formação de blocos de cruzamentos, foram obtidos três blocos de cruzamentos e genótipos de maiores médias foram selecionados como genitores. Indica-se a formação de pelo menos três blocos de cruzamentos: Bloco I – MC 60 (29) e UFVM200(HS)C1 (36) com aptidão para massa seca e massa fresca; Bloco II – Sint 10795-BRS 4105 (4), BRS Gorutuba (7), CAPO (8), BR5037-Cruzeta G19 (9), HTC-SP1 (10), HTC717 (13), HTC707 (15), HI(771xHTMV1) (18), IPR164 (20), PC0905 (21), HI(707xHTMV1) (22) e MC 50 (27) são indicados para formação deste bloco de cruzamento com aptidão de Índice de massa seca e massa de forragem; Bloco III – BRS 1055 (1) , Sint 10771 – BRS 410 (2), Sint 10717 (3), UFVM100(HS)C1 (5), Potiguar-G13 (6), HTCms-CAPO (11), HTC771 (12), HTC795 (14), HTC781 (16), HSmsxHTMV1 (17), HTC697 (23), HTCms15672 (26), MC 20 (28) e HIV 473451 (33) para aptidão de altura de planta, diâmetro do colmo e peso de planta.

**Palavras – chave:** Silagem, Baixo índice pluviométrico, GT Biplot e Divergência genética.

## ABSTRACT

The Northeast is characterized as a region that has low rainfall, which hinders agricultural production. In dairy cattle, the main activity carried out by producers in the “Alto Sertão Sergipano” region, one of the main foods used in animal nutrition is corn, both in the form of grain and silage. The silage brings the characteristics of a bulky food where it has good acceptance and high nutrition for the animals, being the main food offered during the period of water scarcity. Thus, it aimed to select maize genotypes with forage potential in the “Alto Sertão” of Sergipe. The experiment was implemented in the municipality of Graccho Cardoso - SE, at the Experimental Farm of Embrapa Semiárido. The design used was incomplete blocks in a 6x6 square lattice, using 36 treatments (genotypes). Each experimental plot has two lines of 4 meters spaced 0.20 x 0.80 representing the final stand of 55,000 plants per hectare. Planting was carried out at 10 cm depth with one seed per hole. Irrigation was not used. The foundation and cover fertilization was used the fertilizer 10-30-10 and ammonium sulfate, respectively. The application of insecticide and herbicide was carried out. Analysis of variance and biplot graphs were performed for the variables plant height, stem diameter, plant weight, average fresh weight, average dry weight, dry mass index and forage weight. The latter made it possible to observe that there were more responsive genotypes for the variables studied, as well as to observe the correlation of the variables. Therefore, the HTC795 (14) and HIV 473451 (33) genotypes were selected as suitable genotypes to be used in the “Alto Sertão Sergipano” region. Analyzes were also carried out to form crossbreeding blocks, three crossbreeding blocks were obtained and genotypes with higher averages were selected as parents. The formation of at least three crossing blocks is indicated: Block I - MC 60 (29) and UFVM200 (HS) C1 (36) with suitability for dry and fresh mass; Block II - Sint 10795-BRS 4105 (4), BRS Gorutuba (7), CAPO (8), BR5037-Cruzeta G19 (9), HTC-SP1 (10), HTC717 (13), HTC707 (15), HI ( 771xHTMV1) (18), IPR164 (20), PC0905 (21), HI (707xHTMV1) (22) and MC 50 (27) are indicated for formation of this crossing block with dry mass index and forage mass capacity; Block III - BRS 1055 (1), Sint 10771 - BRS 410 (2), Sint 10717 (3), UFVM100 (HS) C1 (5), Potiguar-G13 (6), HTCms-CAPO (11), HTC771 (12 ), HTC795 (14), HTC781 (16), HSmsxHTMV1 (17), HTC697 (23), HTCms15672 (26), MC 20 (28) and HIV 473451 (33) for plant height, stem diameter and weight of plant.

**Keywords:** Silage, Low rainfall, GT Biplot and Genetic divergence.

## **CAPITULO I – Considerações Gerais**

### **1. Introdução**

A silagem de milho é uma das mais usadas no Brasil, representando cerca de 80% de todas as silagens produzidas nos países (BERNARDES; RÊGO, 2014). O uso de silagem de milho tem-se intensificado na agropecuária brasileira devido as suas qualidades nutritivas, alta produção de matéria seca por unidade de área, facilidade de fermentação, boa aceitabilidade dos animais e baixo teor de fibra determinado por detergente neutro (FDN) (PISKE et al., 2019).

O processo de ensilagem do alimento volumoso traz estabilidade para a produção da bovinocultura leiteira e de corte no período de escassez, garantindo a quantidade e qualidade de matéria seca, nutrientes e energia da cultura. Outra facilidade no uso da ensilagem é o processo de colheita ser mecanizado, reduzindo os custos com mão de obra e permitindo maior uniformidade no ponto ideal da colheita (VIEIRA et al., 2011).

Um dos princípios para uma silagem de qualidade é a adoção de práticas adequadas no cultivo do milho, como o controle de plantas daninhas, pragas e doenças, época correta de semeadura. Além disto, outra característica que merece a atenção é a colheita do milho no ponto de grão farináceo-duro (R5) e maior quantidade de adubação devido a exportação de alto teor de fósforo e potássio (CARVALHO, 2013).

Mesmo com fatores limitantes para região como o déficit hídrico, o Sertão Sergipano obteve a menor produção e utilizou maior área do que as outras regiões. A produção de milho com finalidade de grão em Sergipe na 2ª safra de 2018 foi de 106.814 t, sendo as mesorregiões como o Sertão Sergipano, responsáveis por 20.229 t em 77.580 ha e produtividade de 2.437 Kg/ha. Já a região do Agreste Sergipano produziu 63.040 t em 59.275 ha e produtividade de 3.402 Kg/ha e o Leste Sergipano produziu 23.545 t em 8.271 ha e produtividade de 3.532 Kg/ha (IBGE, 2018) a.

O Brasil detém 16.357.485 vacas ordenhadas e produz 33.839.864 mil litros de leite. Nas mesorregiões do estado de Sergipe têm-se no Sertão 88.511 vacas ordenhadas e produz 249.649 mil litros de leite, no Agreste 39.374 vacas ordenhadas, produzindo 45.351 mil litros de leite e no Leste 31.705 vacas ordenhadas e 42.278 mil litros de leite (IBGE, 2018) b.

Na mesorregião do Sertão Sergipano os municípios que se destacaram na produção de leite foi Poço Redondo com 57.409 mil litros de leite, Nossa Senhora da Glória com 46.644 mil litros de leite, Porto da Folha 38.144 mil litros de leite, Gararu 25.387 mil litros de leite e Canindé de São Francisco 23.353 mil litros de leite. (IBGE, 2018) b.

Esses municípios, localizados no Alto Sertão Sergipano apresentam tecnologia para a produção de leite, como ordenha mecanizada e tanques de resfriamento. Porém ainda falta

tecnologia na produção de alimento volumoso, como adubação adequada, cultivares com finalidade de silagem e adaptados as condições edafoclimáticas.

O processo de melhoramento genético do milho é de extrema importância para obtenção de genótipos que apresentem características agronômicas de interesse e que aumentem os índices de produção de silagem na região, como variedades e híbridos que possuam essa finalidade. Onde as variedades podem ser recomendadas para os agricultores de baixa tecnologia e os híbridos podem ser recomendados aos produtores de média a alta tecnologia, a fim de se obter maior produção de forragem.

Dessa forma, objetivou selecionar genótipos de milho com potencial forrageiro no alto sertão sergipano.

## **2. Revisão Bibliográfica**

### **2.1 Milho Forrageiro**

Um dos principais entraves na manutenção do rebanho é a falta de alimento no período de seca, pois nesse período as pastagens diminuem sua produção de folhas, sendo assim umas das estratégias para a conservação de forragem é a produção de silagem. A silagem de milho por sua vez tem alto valor nutritivo, e alto teor de energia o que favorece a produção da bovinocultura (COSTA et al., 2017).

Os estádios fenológicos da planta permitem realizar um manejo cultural eficaz a partir das mudanças morfológicas e eventos fisiológicos do seu ciclo de vida, estes são divididos em vegetativos e reprodutivos. O estágio fenológico para colheita do milho para ensilagem é o R5 denominado de grão farináceo duro, que é subdividido em R5.25, R5.5 e R5.75 caracterizado pela observação da linha do leite, onde a concentração de amido vai aumentando até chegar ao sabugo. O ideal é quando a linha do leite está em 50% do grão - R5.5 (PAULA, 2016).

O potencial forrageiro de genótipos de milho com e sem espiga primária em diferentes sistemas de cultivo, apresenta diferença significativa para as variáveis rendimento de silagem e produtividade de matéria seca de silagem, demonstrando assim a importância do conhecimento das características produtivas dos genótipos adaptados a região semiárida (CARVALHO et al., 2018).

Ao avaliar a ensilagem de milho de diferentes genótipos produzidos com adubação orgânica, Nascimento et al. (2019) observaram as características fermentativas, composição bromatológica e estabilidade aeróbica de um híbrido simples em relação as variedades e

concluíram que uma das variedades estudadas apresentam, menor teor de fibra e maior produção de matéria seca.

Tratando-se da qualidade da silagem, o teor de matéria seca é um dos caracteres mais importantes, pois é com base nele que se estabelece o cálculo da dieta, uma vez que quanto menor o teor de matéria seca maior será o consumo. Os valores de teor de MS tanto para consumo quanto para conservação estabelecidos pela Pioneer (1993) foram entre 28% e 35%. Já Nussio & Manzano (1999) recomendam entre 32 e 35% de MS. Se o teor de matéria seca for menor do que o sugerido promoverá a proliferação e desenvolvimento de bactérias produtoras de ácido butírico, reduzindo assim a qualidade da silagem (CRUZ, 1998).

Trabalhos realizados por Almeida Filho (1996), Embrapa (1997), Rezende (1995) e Monteiro (1998), já demonstravam variabilidade genética de cultivares para a produção de matéria seca, variando entre 4,59 a 22,18 t/ha. Já Noce et al. (2006) observaram aumento na produção de massa seca de híbridos de 17,81 t/ha a 26,16 t/ha.

A variabilidade genética é um fator crucial para o início dos programas de melhoramento. Pois assim é possível obter progênies superiores aos pais. No caso do melhoramento vegetal o Banco de Germoplasma de Milho (BAGMilho) conservado pela Embrapa Milho e Sorgo, possui cerca de 4.000 acessos. Porém essas variedades mantidas no BAGMilho estão abaixo de um genitor-elite, sendo necessário programas de pré-melhoramento com auxílio de retrocruzamentos, a fim de agregar valor aos genótipos do BAGMilho que apresentam genes responsivos ao estresse biótico e abiótico (TEIXEIRA et al., 2013).

O estresse hídrico no milho é uma das causas que diminui o rendimento de grãos e produção de forragem, principalmente quando avaliado em diferentes estádios fenológicos. A seleção de genótipos tolerantes a seca e produtivos é uma característica almejada em programas de melhoramento nas regiões de semiárido, onde possuem menor produtividade. Algumas características como anatomia, morfologia radicular e proporção de aerênquima no córtex, auxiliam na seleção de genótipos tolerantes a seca (SOUZA et al., 2016).

Para selecionar genótipos é necessário avaliar diversas características, bem como analisar a interação de genótipo por ambiente, por isso se faz uso da análise multivariada pois permite a avaliação de todas as características sobre os genótipos simultaneamente mostrando assim resultados com acurácia para seleção.



## 2.2 Análise Multivariada

Análise multivariada se refere a todas as técnicas estatísticas que simultaneamente analisam múltiplas medidas sobre indivíduos ou objetos. Muitas técnicas multivariadas são extensões da análise univariada (análises de distribuições de uma única variável) e da análise bivariada (classificação cruzada, correlação, análise de variância, e regressão simples usadas para analisar duas variáveis) (HAIR et al., 2009).

A análise multivariada possibilita a seleção de genótipos superiores em detrimento das características que são avaliadas simultaneamente e permite conhecer o parentesco genético, possibilitando a formação de futuros cruzamentos (CANAL, 2019).

Esta análise permite fazer a correlação entre as variáveis, selecionar e observar a semelhança entre os genótipos, podendo ser utilizada duas metodologias, como de componentes principais e análise de divergência genética. Na primeira metodologia ocorre a transformação de um conjunto de variáveis original em um conjunto de variáveis não correlacionadas, de mesma dimensão e ordenadas de forma decrescente de variância. Já na análise de divergência, transforma-se um grupo heterogêneo em grupos homogêneos de características semelhantes, sendo um genótipo do grupo distinto dos genótipos de outros grupos (OLIVEIRA, 2019).

Uma das técnicas advindas do uso de componentes principais é a análise biplot de genótipos x características, que é caracterizada por um gráfico de dispersão que demonstra a avaliação de diversos genótipos e variáveis, simultaneamente, permitindo a identificação de melhores genótipos e variáveis, a discriminação e estabilidades dos genótipos e correlação entre as variáveis (YAN; TINKER, 2006).

Análise do tipo genótipos x variáveis (GT Biplot) também foi utilizada por Amaral (2018), Sant'Anna (2019), Oliveira (2019) e Ceccon (2019).

Em programa de melhoramento que objetiva a formação de híbridos, é relevante conhecer a diversidade genética dos indivíduos a ser estudados, pois permite sugerir cruzamentos entre os genótipos contrastantes, determinar caracteres de importância para avaliação e descartar alguns caracteres não desejados, bem como, a formação de uma coleção nucelar (MARIM et al., 2009).

Uma das técnicas para analisar a divergência genética é a análise de agrupamento, onde os genótipos são agrupados levando em consideração a similaridade das características, permitindo obter informação do grau de semelhança ou de diferença entre dois ou mais genótipos (FEITOSA et al., 2019).

Em programa de melhoramento, grande quantidade de genótipos dificulta a avaliação e a montagem de experimento, sendo assim a análise de agrupamento auxilia na interpretação da

divergência genética formando grupos heteróticos. Dentre os métodos utilizados na análise destaca-se o hierárquico e otimização de Tocher (CANAL, 2019).

Analisando a divergência genética entre híbridos de milho em condições de deficiência hídrica, Melo et al. (2019) observaram que no agrupamento pelo método de Tocher, houve a formação de oito grupos quando avaliado em 20% da capacidade de campo e dois grupos quando avaliado em 80%, mostrando assim a importância de se avaliar em ambientes representativos para uma análise com acurácia. Notaram também que os métodos de Tocher e o vizinho mais próximo são complementares.

Os métodos e técnicas da análise multivariada auxiliam no progresso do melhoramento vegetal, permitindo selecionar genótipos superiores e estáveis, observar a correlação entre as variáveis e os ambientes favoráveis para cada genótipo, além de formar população base para realizar cruzamentos entre genótipos contrastantes, possibilitando traçar estratégias para o sucesso no programa.

Análise de divergência genética foram utilizadas por autores como Sulzbacher et al. (2017), Meira et al. (2019), Melo et al. (2019) e Borges et al. (2019).

### 3. Literatura Citada

- ALMEIDA FILHO, Sebastião Luiz. **Avaliação de cultivares de milho (*Zea mays* L.) para silagem**. 1996. 53p. Tese (Mestrado) - Curso de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1996.
- AMARAL, Camila Baptista do. **Caracterização de sintéticos de milho quanto à eficiência de uso do nitrogênio**. 2018. Tese (Doutorado). Curso de Pós-Graduação em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2018.
- BERNARDES, T. F.; RÊGO, A. C. do. Study on the practices of silage production and utilization on Brazilian dairy farms. **Journal Of Dairy Science**, [s.l.], v. 97, n. 3, p.1852-1861, mar. 2014. American Dairy Science Association. <http://dx.doi.org/10.3168/jds.2013-7181>.
- BORGES, R. M. E. et al. Divergência genética em genótipos de abóbora para descritores qualitativos e quantitativos associados ao fruto. **Embrapa Semiárido-Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento (INFOTECA-E)**, 2019.
- CANAL, Guilherme Bravim. **Melhoramento genético de *Euterpe edulis* para produção de frutos**. 2019. 64 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Produção Vegetal, Universidade Federal do Espírito Santo, Alegre, 2019. Cap. 1.
- CARVALHO, Artur Pereira Vasconcelos de et al. Potencial forrageiro de genótipos de milho com e sem espiga primária em diferentes sistemas de cultivo. **Revista Ciência Agrícola**, Rio Largo, v. 16, n. 1, p.43-53, 23 maio 2018. Universidade Federal de Alagoas. <http://dx.doi.org/10.28998/rca.v16i1.3459>.
- CARVALHO, Igor Quirrenbach de. **Tecnologia da Produção de Silagem de Milho em Sistemas de Produção de Leite**. 2013. 96 f. Tese (Doutorado) - Curso de Pós-Graduação Zootecnia, Área de Concentração Pastagens e Forragicultura, Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2013. Cap. 1.
- CECCON, Felipe **Seleção de genótipos de milho eficientes na interação com *Azospirillum brasiliense***. 2019. 82 f. Dissertação (Mestrado). Curso Pós - Graduação em Agronomia - Produção Vegetal. Faculdade de Ciências Agrárias, Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados, 2019.
- COSTA, Nídia Raquel et al. Yield and nutritive value of the silage of corn intercropped with tropical perennial grasses. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 52, n. 1, p.63-73, jan. 2017. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/s0100-204x2017000100008>.
- CRUZ, José Carlos. Cultivares de milho para silagem. In: Embrapa Milho e Sorgo-Artigo em anais de congresso (ALICE). In: Congresso Nacional de Estudantes de Zootecnia, 1998, Viçosa, MG. **Anais...** Viçosa: Associação Mineira dos Estudantes de Zootecnia, 1998. p. 92-114., 1998.
- EMBRAPA Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Leite. **Avaliação de cultivares de milho para silagem- safra 94/95**. Juiz de Fora, 1997. 8p.
- FEITOSA, Francielle et al. Análise de agrupamento em diferentes famílias de café arábica portadoras do gene Sh3 de resistência a *Hemileia vastatrix*. **X Simpósio de Pesquisa dos Cafés do Brasil**, 2019.

HAIR, Joseph F. et al **Análise Multivariada de dados**. Bookman Editora, 2009.

IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (Brasil). **Pesquisa da Pecuária Municipal** 2018. b. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/pesquisa/ppm/tabelas>>. Acesso em: 18 out. 2019.

IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (Brasil). **Produção Agrícola Municipal**. 2018. a. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/pesquisa/pam/tabelas>>. Acesso em: 17 out. 2019.

MARIM, Bruno Garcia et al. Variabilidade genética e importância relativa de caracteres em acessos de germoplasma de tomateiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 10, p.1283-1290, out. 2009. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/s0100-204x2009001000011>.

MEIRA, D. et al. Multivariate analysis revealed genetic divergence and promising traits for indirect selection in black oat. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias - Brazilian Journal Of Agricultural Sciences**, [s.l.], v. 14, n. 4, p.1-7, 31 dez. 2019. Revista Brasileira de Ciências Agrárias. <http://dx.doi.org/10.5039/agraria.v14i4a6514>.

MELO, Aurélio Vaz de et al. Divergência genética entre híbridos de milho em condições de deficiência hídrica. **Revista de Agricultura Neotropical**, Cassilândia, v. 6, n. 3, p.66-75, set. 2019.

MONTEIRO, Márcio Antônio Resende. **Avaliação de Cultivares de Milho para Produção de Grãos e Forragem no Estado de Minas Gerais**.1998. 96p. Tese (Mestrado) - Curso de Pós-Graduação Agronomia, Área de Concentração Fitotecnia, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1998.

NASCIMENTO, Gabriela do et al. Ensilagem de milho de diferentes genótipos produzidos com adubação orgânica. **Agrarian**, Dourados, v. 12, n. 44, p.196-203, out. 2019. Universidade Federal de Grande Dourados. <http://dx.doi.org/10.30612/agrarian.v12i44.9377>.

NOCE, Marco Aurélio et al. Cultivares de milho para a produção de grãos e forragem na região Central de Minas Gerais. In: **Embrapa Milho e Sorgo-Artigo em anais de congresso (ALICE)**. In: Congresso Nacional de Milho e Sorgo, 26.; Simpósio Brasileiro sobre a Lagarta-do-Cartucho, *Spodoptera Frugiperda*, 2.; Simpósio sobre *Colletotrichum Graminicola*, 1., 2006, Belo Horizonte. Inovação para sistemas integrados de produção: trabalhos apresentados. [Sete Lagoas]: ABMS, 2006., 2006.

NUSSIO, Luiz Gustavo; MANZANO, Ricardo Pereira Silagem de milho. In: Simpósio sobre Nutrição de Bovinos: Alimentação Suplementar, 7., 1999, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: FEALQ, 1999. p. 27-46.

OLIVEIRA, Tâmara Rebecca Albuquerque de. **Análise Biplot no desempenho de feijão-vagem e na inoculação de *Gluconacetobacter diazotrophicus* PAL5**. 2019. 70 f. Tese (Doutorado) - Curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2019.

PAULA, Robson Fernando de. **Momento de Corte da Lavoura de Milho para Silagem de Planta Inteira**. 2016. Disponível em: <<http://www.pioneersementes.com.br/blog/83/momento-de-corte-da-lavoura-de-milho-para-silagem-de-planta-inteira>>. Acesso em: 22 out. 2019.

PIONEER. **Silagem de Milho**. 2. ed. s.l., 1993. (Pioneer, Informe Técnico, 6)

PISKE, Wellington Raasch et al. Características agronômicas da silagem de diferentes populações de milho (*Zea mays* L.) no Noroeste Capixaba. **A Produção do Conhecimento nas Ciências Agrárias e Ambientais**. Ponta Grossa, maio 2019. p. 220-229.

REZENDE, Pedro Milanez de. **Capacidade competitiva de cultivares de milho e soja consorciados em função da produção de grão e foragem**. 1995, 154p. Tese (Doutorado) - Curso de Pós-Graduação Agronomia, Área de Concentração Fitotecnia, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1995.

SANT'ANNA, Camila Queiroz da Silva Sanfim de. **Análise de Distinguiabilidade, Homogeneidade, Estabilidade e GT biplot na proteção de novas linhagens de feijão-de-vagem para o Norte e Noroeste Fluminense**. 2019. Tese (Doutorado). Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2019.

SOUZA, Thiago Corrêa de et al. Corn root morphoanatomy at different development stages and yield under water stress. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 51, n. 4, p.330-339, abr. 2016. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/s0100-204x2016000400005>.

SULZBACHER, Leonardo Julian et al. Análise da divergência genética através de caracteres agronômicos em genótipos de feijão comum. **Espacios**, [s.i.], v. 38, n. 23, p.26-39, 2017.

TEIXEIRA, Flavia França et al. Pré-melhoramento de milho quanto à resistência a enfezamentos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 1, p.51-58, jan. 2013. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/s0100-204x2013000100007>.

VIEIRA, Valmir da Cunha et al. Caracterização da silagem de milho, produzida em propriedades rurais do sudoeste do Paraná. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 58, n. 4, p.462-469, ago. 2011.

YAN, Weikai; TINKER, Nicholas A.. Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. **Canadian Journal Of Plant Science**, [s.l.], v. 86, n. 3, p.623-645, fev. 2006.

## **CAPITULO II – GT Biplot: Seleção de genótipos de milho com potencial forrageiro em região Semiárida**

### **1. Introdução**

O milho (*Zea Mays* L.) é um dos alimentos mais presentes na dieta animal, destaca-se por apresentar alto rendimento de massa seca por unidade de área, qualidades nutricionais e boa digestibilidade. Porém a sua produção na região semiárida ainda é baixa, devido ao baixo índice pluviométrico, ao grau tecnológico usado na produção e genótipos inadequados à região semiárida (SANTOS et al., 2010).

Em Sergipe, a produção de milho (grão) se destaca nas regiões Agreste, Sul e Sertão. A região do Agreste possui 74,85% da área total plantada no estado, seguido pela região do Sertão com 19,81% e a região Sul com 3,74%. Porém, quando se trata da produtividade de milho grão a região do Sertão fica abaixo, com 4.462 Kg/ha (SUREG/SE, 2019). A produtividade abaixo do esperado ocorre devido ao déficit hídrico existente nesta região, e a não contabilizada produção de milho ensilado usado na alimentação da bovinocultura leiteira, principal atividade agropecuária da região.

De acordo com Zeoula et al. (2003), a silagem de milho fornece alto teor de nutrientes digestíveis totais, sendo assim um bom alimento para os ruminantes.

Para elevar o índice de produção de milho, com finalidade de forragem, na região do Alto Sertão é necessário ter conhecimento sobre as características agronômicas dos genótipos indicados para essa condição edafoclimática (ARTUZO et al., 2019). Além de características agronômicas como, altura de planta e diâmetro do colmo, devem ser avaliadas características do potencial forrageiro do milho, como peso de planta, massa seca, fresca e de forragem, pois possibilitam conhecer o desempenho dos genótipos mais adaptados a essa região e mais aptos a produção de forragem.

Uma ferramenta que facilita a visualização e interpretação dos genótipos em relação as variáveis é a análise biplot de genótipos x características (GT *Biplot*). Esta metodologia usada nas análises multivariadas que reproduz graficamente aglomerações, pontos discrepantes e tendências entre os dados e as variáveis, permitindo assim interpretar as diversas variáveis estudadas e observar as correlações entre elas (SOUZA, 2010).

Diante do exposto, objetivou-se selecionar genótipos de milho com potencial forrageiro em região Semiárida utilizando o GT Biplot.

## 2. Metodologia

### 2.1. Local e Clima

O experimento foi realizado, entre os meses de maio a agosto de 2018, na Fazenda experimental da Embrapa - Semiárido no município de Graccho Cardoso, região do Alto Sertão Sergipano. Segundo a classificação de Köppen, o tipo climático é o BSsh' – clima muito quente tipo estepe, estação chuvosa no inverno. Os dados climáticos presentes na Tabela 1, foram registrados pela estação meteorológica automática de Nossa Senhora da Glória – SE (INMET), que está localizada no Instituto Federal de Educação (IFS).

**Tabela 1** – Dados Climáticos Registrados pelo INMET no período 01/05/2018 a 31/08/2018.

Mês	Temperatura (°C)		Umidade (%)		Radiação (kJ/m <sup>2</sup> )	Chuva (mm)
	Máx.	Mín.	Máx.	Mín.		
<b>Maio</b>	24,9	23,7	84,2	78,5	996,2	46,8
<b>Junho</b>	23,7	22,6	84,5	79,0	1115,3	41,8
<b>Julho</b>	22,8	21,8	84,9	79,6	943,0	61,4
<b>Agosto</b>	24,1	22,8	78,5	72,5	986,8	21,8

### 2.2 Delineamento experimental e condução do experimento

O delineamento experimental utilizado foi em blocos incompletos em Látice quadrado reticulado 6x6 com duas repetições (Figura 1) e, portanto, 36 tratamentos (Tabela 2). Cada parcela constituiu-se de duas linhas de quatro metros, espaçadas em 0,20 m entre plantas e 0,80 m entre linhas, totalizando 22 plantas por linha, com estande final estimado de 55.000 plantas por hectare (Figura 2). A semeadura foi realizada manualmente com uma semente por cova. Para se obter o efeito bordadura dentro da parcela, foi adicionado duas sementes na primeira cova e na última cova da linha. Na bordadura da área experimental foi usado cultivares de milho convencional, com o mesmo espaçamento adotado na parcela experimental.

		Repetição 1							Repetição 2						
		BORDADURA													
1 bloco	B O R D A D U R A	T1	T2	T3	T4	T5	T6		T1	T7	T13	T19	T25	T31	B O R D A D U R A
1 bloco		T1	T2	T3	T4	T5	T6		T1	T7	T13	T19	T25	T31	
2 bloco		T7	T8	T9	T10	T11	T12		T2	T8	T14	T20	T26	T32	
2 bloco		T7	T8	T9	T10	T11	T12		T2	T8	T14	T20	T26	T32	
3 bloco		T13	T14	T15	T16	T17	T18		T3	T9	T15	T21	T27	T33	
3 bloco		T13	T14	T15	T16	T17	T18		T3	T9	T15	T21	T27	T33	
4 bloco		T19	T20	T21	T22	T23	T24		T4	T10	T16	T22	T28	T34	
4 bloco		T19	T20	T21	T22	T23	T24		T4	T10	T16	T22	T28	T34	
5 bloco		T25	T26	T27	T28	T29	T30		T5	T11	T17	T23	T29	T35	
5 bloco		T25	T26	T27	T28	T29	T30		T5	T11	T17	T23	T29	T35	
6 bloco		T31	T32	T33	T34	T35	T36		T6	T12	T18	T24	T30	T36	
6 bloco		T31	T32	T33	T34	T35	T36		T6	T12	T18	T24	T30	T36	
		BORDADURA													

**Figura 1** - Croqui da área experimental, sendo os genótipos os 36 tratamentos utilizados.

**Tabela 2** – Tratamentos, tipo, ciclo, fase e obtentor das cultivares avaliadas no experimento, conduzido na fazenda experimental da Embrapa Semiárido, localizada no município de Feira Nova – SE, nos anos agrícolas 2018/2019.

Tratamento	Cultivar	Tipo	Ciclo	Fase	Obtentor
1	BRS 1055	HS	P/N	Comercial	Embrapa
2	Sint 10771 – BRS 4107	V	P/N	Comercial	Embrapa
3	Sint 10717	V	P/N	Experimental	Embrapa
4	Sint 10795-BRS 4105	V	P/N	Comercial	Embrapa
5	UFVM100(HS)C1	V	P/N	Experimental	UFV
6	Potiguar-G13	V	P/N	Comercial	EMPARN
7	BRS Gorutuba	V	SP	Comercial	Embrapa
8	CAPO	V	SP	Pré-Comercial	Embrapa
9	BR5037-Cruzeta G19	V	SP	Comercial	EMPARN
10	HTC-SP1	HTC	SP	Experimental	Embrapa
11	HTCms-CAPO	HTC	SP	Experimental	Embrapa
12	HTC771	HTC	P/N	Experimental	Embrapa
13	HTC717	HTC	P/N	Experimental	Embrapa
14	HTC795	HTC	P/N	Experimental	Embrapa
15	HTC707	HTC	P/N	Experimental	Embrapa
16	HTC781	HTC	P/N	Experimental	Embrapa
17	HSmsxHTMV1	HTC	P/N	Experimental	Embrapa
18	HI(771xHTMV1)	HI	P/N	Experimental	Embrapa
19	PC0904	V	P/N	Experimental	IAPAR
20	IPR164	V	P/N	Experimental	IAPAR
21	PC0905	V	P/N	Experimental	IAPAR
22	HI(707xHTMV1)	HI	P/N	Experimental	Embrapa
23	HTC697	HTC	P/N	Experimental	Embrapa
24	Sint. Super Prec1	V	SP	Experimental	Embrapa
25	BRS3046	HT	P/N	Comercial	Embrapa



26	HTCms15672	HTC	P/N	Experimental	Embrapa
27	MC 50	V	P/N	Experimental	Embrapa
28	MC 20	V	P/N	Experimental	Embrapa
29	MC 60	V	P/N	Experimental	Embrapa
30	AL 2015	V	P/N	Experimental	CATI
31	AL AVARÉ	V	P/N	Comercial	CATI
32	98CV02	HI	P/N	Experimental	CATI
33	HIV 473451	HI	P/N	Experimental	Embrapa
34	HIV 2564260	HI	P/N	Experimental	Embrapa
35	BR2121 (QPM)	HD	P	Comercial	Embrapa
36	UFVM200(HS)C1	V	P/N	Experimental	UFV

HD = Híbrido Duplo; HS = Híbrido Simples; HI = Híbrido Intervarietal; HT = Híbrido Triplo; V = Variedade; HTC = Híbrido Top-cross; P/N = Precoce/Normal; SP = Super-precoce.

**Fonte:** VALENTINI, et al., 2017.



**Figura 2** - Implantação do experimento: A- Organizações da cultivares de milho na caixa; B – Plantio manual das cultivares de milho; C – Milho emergindo e D – Área experimental com folhas cotiledonares.

A área foi preparada revolvendo o solo a 30 cm de profundidade, com auxílio de um arado de disco e posteriormente foi usado a grade niveladora. Em seguida foram feitos os sulcos de plantio na regulagem de 80 cm de distância entre as hastes e 10 cm de profundidade, e a demarcação da parcela experimental. Não houve suplementação com irrigação durante a condução do experimento.

De acordo com a análise de solo (Tabela 3), foi realizada a adubação de fundação, no dia 24/05/2018, adicionando manualmente 96 g do adubo comercial 10-30-10 em cada linha de

plantio. Já a adubação de cobertura foi parcelada em duas vezes, sendo a primeira realizada no dia 26/06/2018 e a segunda dia 04/07/2018, onde foi adicionado de forma manual 48 g de Sulfato de Amônio em cada linha, a 5 cm da planta.

**Tabela 3** – Análise química do solo realizada pelo Laboratório de Solos da Embrapa Tabuleiro Costeiros.

M.O.	pH em H <sub>2</sub> O	Ca	Mg	H+Al	Al	P	K	Na
(g kg <sup>-1</sup> )			(mmolc dm <sup>-3</sup> )			(mg dm <sup>-3</sup> )		
22,54	5,83	19,63	18,99	48,02	0,39	1,84	134,91	23,55

M.O. – Matéria Orgânica; Ca – Cálcio; Mg – Magnésio; H+Al – Hidrogênio mais alumínio; Al - Alumínio; P – Fósforo, K – Potássio e Na - Sódio.

Além disso, devido a várias injúrias causadas pela Lagarta do cartucho [*Spodoptera frugiperda* (J. E., Smith, 1797)], efetuou-se a aplicação no dia 04/07/2018, após a adubação de cobertura, do inseticida sistêmico Brilhante. Por fim, no dia 10/07/2018, a área foi pulverizada com o herbicida comercial Atrazina no dia, do grupo químico triazina, com dose de 12,5 mL/litro.

## 2.3 Variáveis analisadas

Por ocasião do florescimento, as parcelas foram devidamente etiquetadas, permitindo boa precisão de avaliação e identificação. Assim foi realizado a mensuração das variáveis:

- Altura média da planta – AP: foram avaliadas a média de oito plantas presentes na parcela por meio de uma régua graduada;
- Diâmetro do colmo – DC: mediu-se a média do diâmetro do colmo de oito plantas dentro da parcela com o auxílio de um paquímetro;
- Peso da amostra – PP: Todas as plantas da parcela foram cortadas, etiquetadas e pesadas em uma balança digital (Figura 3 C);
- Peso médio de massa fresca – MFRE: Todas as plantas das parcelas foram trituradas em uma forrageira e em seguida foi retirado duas amostras da parte aérea da e pesadas em uma balança digital; (Figura 3 E);
- Peso médio de massa seca – MS: As duas amostras MFRE foram colocadas em uma estufa, por onde ficaram três dias, depois retiradas e pesadas novamente;
- Índice de massa seca - Dados obtido por meio da Equação 1;

$$IMS = MS / MFRE \quad (1)$$

Onde:

IMS – Índice de massa seca;

MS- Peso médio da massa seca;

MFRE – Peso médio de massa fresca;

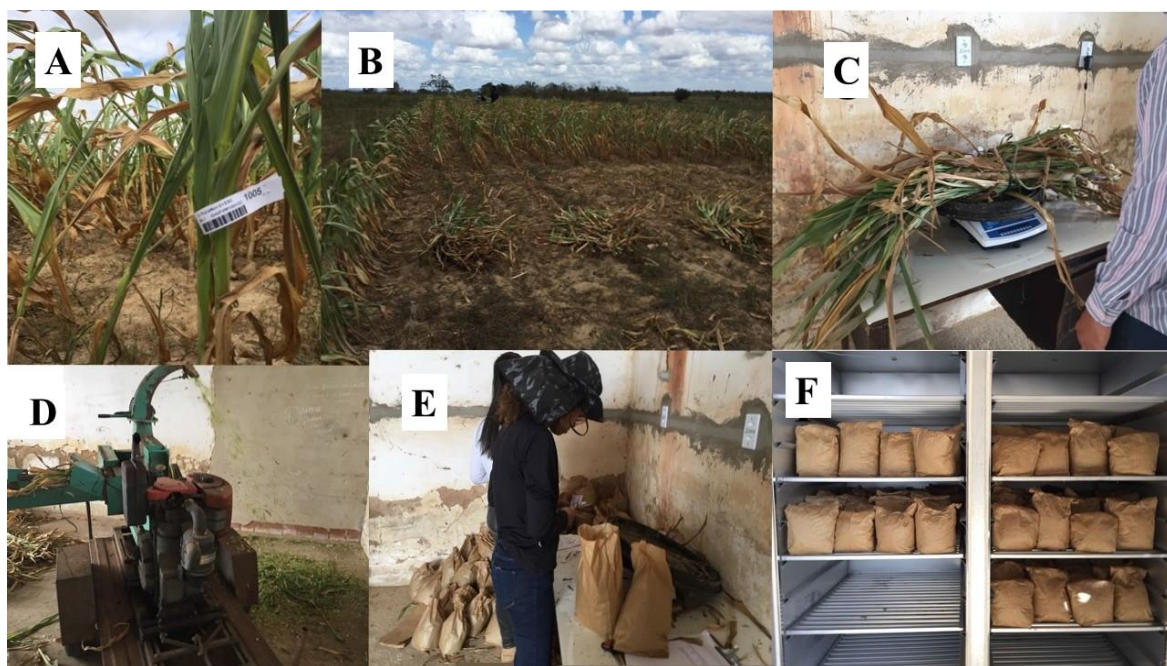
- Peso médio de massa de forragem – MFORRA: foi obtido através da Equação 2;

$$MFORRA = \frac{\text{Peso da amostra (g)} * IMS}{\text{Área amostral}} * 10 \quad (2)$$

Onde:

MFORRA – Massa de Forragem;

IMS – Índice de massa seca;



**Figura 3** - Avaliações: A – Etiquetagem das plantas; B – Avaliação e posterior corte; C – Pesando plantas presente nas parcelas; D – Moendo as plantas em uma forrageira; E – Separando as amostras, pesando e identificado e F – Amostras acondicionada em estufa (secagem).

## 2.4 Análises estatísticas

Os dados de cada variável foram submetidos a análise de variância em Látice com recuperação de informação interblocos (ANOVA), por meio do software SAS.

Os componentes principais apresentam os autovetores usados para identificar os melhores genótipos. Os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) que apresentam maior variabilidade, foram usados para o agrupamento dos genótipos, feito pelo software R.

O método GT *Biplot* foi embasado no seguinte modelo de Yan; Kang (2003) (Equação 3):

$$Y_{ij} - \bar{y}_j = y_1 \varepsilon_{i1} \rho_{j1} + y_2 \varepsilon_{i2} \rho_{j2} + \varepsilon_{ij} \quad (3)$$

Em que:

- $Y_{ij}$  representa o rendimento médio do i-ésimo genótipo na j-ésima variável;
- $\bar{y}_j$  é a média geral dos genótipos para variável j;
- $y_1 \varepsilon_{i1} \rho_{j1}$  é o primeiro componente principal (CP1);
- $y_2 \varepsilon_{i2} \rho_{j2}$  é o segundo componente principal (CP2);
- $y_1$ ,  $y_2$  são os autovalores associados ao CP1 e CP2, respectivamente;
- $\varepsilon_{i1}$  e  $\varepsilon_{i2}$  são os escores do primeiro e segundo componente principal, respectivamente, do i-ésimo genótipo;
- $\rho_{j1}$  e  $\rho_{j2}$  são os escores do primeiro e segundo componente principal, respectivamente, para a j-ésima variável;
- $\varepsilon_{ij}$  é o erro do modelo associado com o i-ésimo genótipo e j-ésima variável

Usando as médias de cada variável foram feitos os GT *Biplot* no software R (R Foundation, 2017), com o pacote “GGEbiplotGUI”.

### 3. Resultados e Discussão

Os coeficientes de variação experimental mostram a confiabilidade e a precisão nas estimativas das médias. Nas culturas de soja, trigo, feijão, milho e sorgo é necessário que o CV seja inferior ou igual a 20% (GURGEL; FERREIRA; SOARES, 2013). Sendo assim os coeficientes de variação se apresentaram dentro do aceitável para este estudo (Tabela 4).

Houve diferença significativa entre os genótipos (tratamentos) para todas as variáveis estudadas, demonstrando que há variabilidade entre os genótipos analisados, devendo assim existir pelo menos um genótipo que se apresenta de forma superior a estas variáveis.

Para todas as variáveis a média geral dos genótipos foram baixas, com relação à média dos mesmos genótipos em ambiente diferente. Valentini et al. (2017), observando os mesmos 36 genótipos obteve a média de altura de planta de 210 cm diferentemente do que podemos observar na Tabela 4 onde a média da altura das plantas foi de 51,96 cm. Este fato ocorreu devido ao déficit hídrico da safra de 2018, onde as parcelas foram avaliadas e colhidas na ocasião do florescimento.

**Tabela 4** – Resumo da análise de variância com os tratamentos ajustados com recuperação da informação de interblocos das variáveis, avaliadas na fazenda experimental da Embrapa - Semiárido.

FV	GL	QM						
		AP	DC	PP	MFRE	MS	IMS	MFORRA
<b>Trat (Ajust.)</b>	35	108,62*	0,0336*	0,3429*	0,0057**	0,00039*	0,0017*	28408,9**
<b>Resíduo Intrabl.</b>	25	23,99	0,0162	0,2902	0,0067	0,00037	0,0005	34350,18
<b>Fator de ajuste</b>		0,1168	0,735	0,048	0,0644	0,0633	0,108	0,0232
<b>CV (%)</b>		9,42	7,38	16,08	18,26	13,86	7,55	17,07
<b>Média</b>		51,96	1,72	3,34	0,44	0,13	0,31	1085,44

\* e \*\*, significa, significativo a 1% e a 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F. AP: Altura da Planta (cm), DC: Diâmetro do colmo (cm), PP: Peso de planta (kg), MFRE: Massa Fresca (kg), MS: Massa Seca (kg), IMS: Índice de Massa Seca e MFORRA: Massa de Forragem (kg MS/ha)

Os dois primeiros componentes principais (CP) explicaram 60,77% da variação total dos dados (Tabela 5). Yang et al. (2009) afirmam que os dois primeiros componentes principais devem explicar mais de 60%. Desta forma, a análise de CP explicou grande proporção da soma de quadrados de genótipos, indicando que há confiabilidade nos resultados produzidos pela análise multivariada.

**Tabela 5** – Apresentação dos Autovalores, variação explicada, proporção acumulada e importância relativa (IR) dos sete componentes principais (CP), para realização da análise GT *Biplot*.

CP	% explicada	% acumulada	IR
1	35	34,91	9,24
2	26	60,77	7,96
3	19	79,91	6,84
4	12	91,44	5,31
5	8	99,49	4,44
6	0,3	99,83	0,92
7	0,2	100	0,64

A variação explicada é o quanto cada componente tem explicado sobre o autovalor, dado em porcentagem, e a proporção acumulada é o quanto cada componente acumula dos seus anteriores até chegar a 100% (ARAÚJO; COELHO, 2009).

Os dois primeiros PC's foram usados pela importância relativa (IR) que possuem, 9,24 para PC1 e 7,96 PC2. De acordo com Yokomizo et al. (2017)  $IR \geq 1$  contém padrões ou informações

importantes,  $IR = 1$  não contém padrões, mas pode conter alguma informação independente e,  $IR < 1$  não contém qualquer padrão ou informação. Entende-se assim que os dois PC's usados possuem padrões e muitas informações importantes sobre os genótipos. Dessa forma a análise GT Biplot pode ser considerada adequada para apresentar os padrões relacionados à interação genótipos vs variáveis.

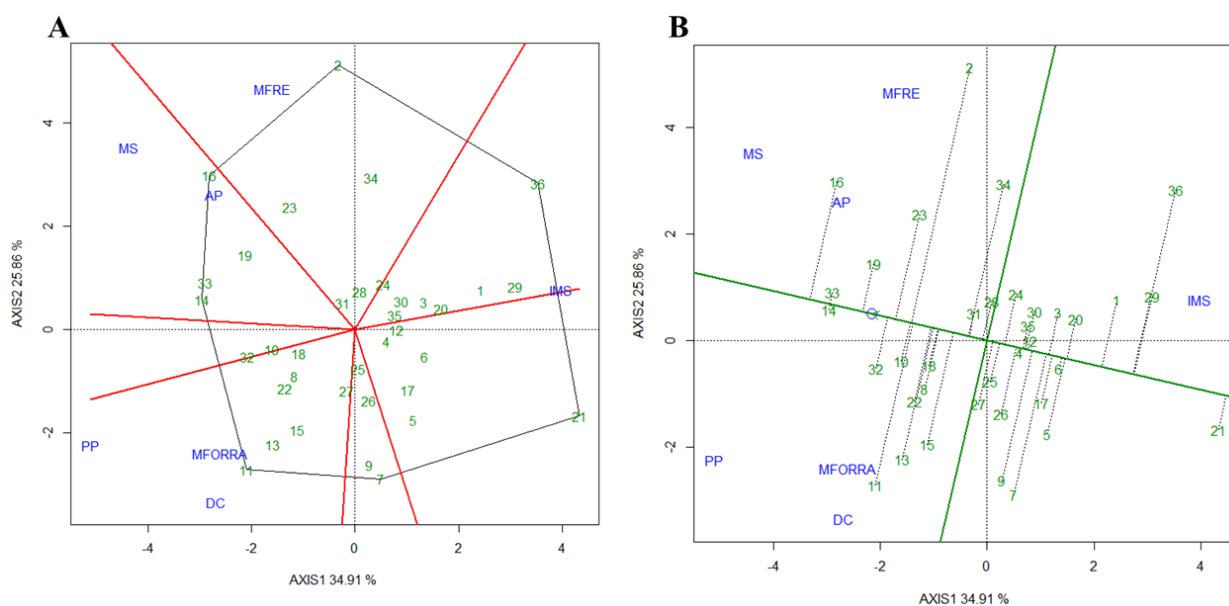
Uma das formações gráficas feitas pelo GT *Biplot* é denominada de “which-won-where”, significando “qual-ganhou-onde” (Figura 4A). Esta agrupa variáveis por meio de linhas perpendiculares, caracterizando os genótipos e formando um polígono (YAN; TINKER, 2006). Os genótipos que se encontram no vértice do polígono são os mais responsivos ou “ganhadores” para as variáveis analisadas, já os genótipos dentro do polígono são menos responsivos.

As variáveis analisadas formaram quatro grandes grupos. O primeiro formado por PP, MFORRA e DC, o segundo AP e MS, o terceiro por MFRE e o quarto por IMS. Assim temos que, o genótipo 11 demonstrou uma maior resposta ao diâmetro de colmo, peso de planta e consequentemente produção de forragem. No grupo 2 os genótipos 14, 16 e 33, se destacaram na produção de massa seca e altura da planta. No grupo 3 o genótipo 2 apresentou maior rendimento de massa fresca e no grupo 4 o genótipo 21 obteve maior índice de massa seca.

Nesse mesmo *biplot* foi formado três grandes grupos que apresentaram genótipos não responsivos as variáveis (genótipos 4, 5, 6, 7, 9, 12, 17, 25 e 26) significando que estes genótipos não são indicados como genitores em programa de melhoramento objetivando aumentos na expressão da característica em condições de estresse aqui estudadas. Assim, esses genótipos delimitados por esses setores podem ser considerados como não eficientes, podendo ser descartados.

É válido lembrar, que as variáveis como altura de planta, massa seca, massa fresca e massa de forragem são de extrema importância na produtividade de silagem para milho. Desta forma os genótipos 2, 11, 14, 16 e 33, que se destacaram para estas variáveis, demonstraram aptidão para serem genitores em programa de melhoramento na região do alto sertão.





**Figura 4** - GT Biplot representando o “which-won-where” (A) e “Mean vs. Stability” (B) dos 36 genótipos, nas variáveis – AP: Altura da Planta (cm), DC: Diâmetro do colmo (cm), PP: Peso de planta (kg), MS: Massa Seca (kg), MFRE: Massa Fresca (kg), IMS: Índice de Massa Seca e MFORRA: Massa de Forragem (kg MS/ha).

1: BRS 1055, 2: Sint 10771-BRS 4107, 3: Sint 10717, 4: Sint 10795-BRS 4105, 5: UFVM100(HS)C1, 6: Potiguar-G13, 7: BRS Gorutuba, 8: CAPO, 9: BR5037-Cruzeta-G19, 10: HTC-SP1, 11: HTCms-CAPO, 12: HTC771, 13: HTC717, 14: HTC795, 15: HTC707, 16: HTC781, 17: HSmsxHTMV1, 18: HI(771xHTMV1), 19: PC0904, 20: IPR164, 21: PC0905, 22: HI(707xHTMV1), 23: HTC697, 24: Sint. Super Prec1, 25: BRS3046, 26: HTCms15672, 27: MC 50, 28: MC 20, 29: MC 60, 30: AL 2015, 31: AL AVARÉ, 32: 98CV02, 33: HIV 473451, 34: HIV 2564260, 35: BR2121QPM e 36: UFVM200(HS)C1.

O biplot denominado de “Means vs. Stability” (Médias vs Estabilidade) traz a representação da produtividade e estabilidade dos genótipos com relação as variáveis estudadas (Figura 4B). Neste gráfico o círculo representa a média ideal para todos os genótipos e a estabilidade é representada projeção que possuem em relação ao eixo (ABREU, 2018).

Santos (2017) mostrou que os genótipos que estão mais perto da média são superiores e os mais distantes, genótipos inferiores. Assim os genótipos com maior projeção em relação ao eixo apresentam maior interação genótipos x características, ou seja, menor estabilidade.

Diante do exposto, os genótipos que se apresentaram produtividade acima da média foram os 19, 14, 33 e 16. Além de se apresentarem com as melhores produtividades, os genótipos 14 e 33 possuem maior estabilidade. Dessa forma os genótipos 14 e 33 foram considerados ideais para o cultivo na região do alto sertão, com a finalidade de produção de forragem, nas condições avaliadas.

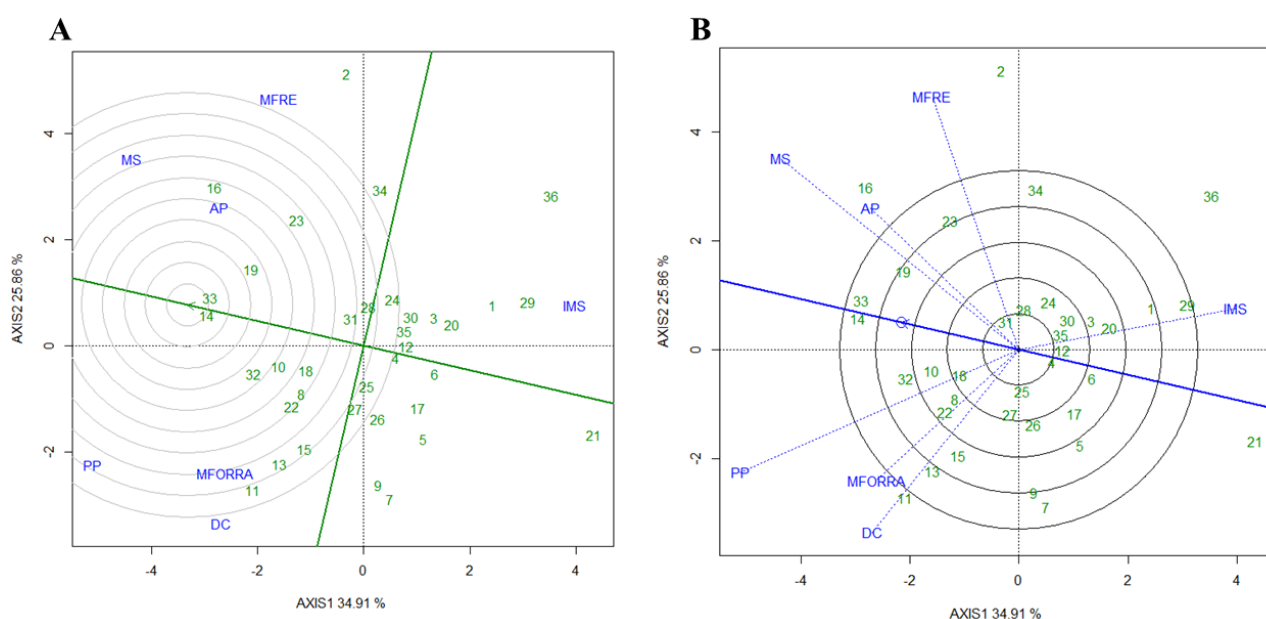
Os híbridos HTC 795 (14) e HIV 473451 (33), estão em fase experimental, sendo estudados em experimentos localizados em Campos dos Goytacazes – RJ. Na safra 2016/2017 o HTC 795 apresentou uma média de 56 dias para o florescimento masculino e 58 dias para o florescimento

feminino, média de 198 cm de altura da planta e 102 cm de altura de espiga, estande de 57,813 plantas/ha, e 64,844 espigas/ha e 5,446 kg/ha. Já o HIV 473451 apresentou uma média de 51 dias para o florescimento masculino e 54 dias para o florescimento feminino, média de 209 cm de altura da planta e 110 cm de altura de espiga, estande de 53,907 plantas/ha, e 49,219 espigas/ha e 4,558 kg/ha. (VALENTINI, et al., 2017)

Apesar das condições climáticas diferentes nos dois experimentos, pode-se afirmar que os genótipos são produtivos e eficientes. Sendo assim, quando houver uma precipitação maior que a da safra 2018, os genótipos tendem a produções melhores, desempenhando um papel importante como alimento aos animais.

Segundo Santos (2017) o genótipo ideal é definido graficamente pelo vetor mais longo em PC1 e PC2 e zero interação G x T, sem projeções, representado pela seta no centro dos círculos concêntricos (Figura 5A). Embora esse genótipo ideal não exista na realidade, ele é usado como referência para a avaliação dos demais genótipos. O genótipo que está mais próximo do ideal, é o desejável para os melhoristas de plantas. Os demais círculos concêntricos auxiliam a visualização da distância entre cada genótipo com o genótipo ideal.

Entende-se assim, que os genótipos 14 e 33, alocados no primeiro círculo concêntrico, são os mais próximos do genótipo “ideal” em termos de produtividade e estabilidade fenotípica para as características avaliadas. Estes genótipos estão em processo de melhoramento, podendo conter alelos favoráveis a expressão gênica nas condições de semiárido.



**Figura 5** - GT Biplot chamado de “Ranking Genotypes” (A) “Discriminateness vs. Representativeness” (B), para as variáveis AP: Altura da Planta (cm), DC: Diâmetro do colmo (cm),



PP: Peso de planta (kg), MS: Massa Seca (kg), MFRE: Massa Fresca (kg), IMS: Índice de Massa Seca e MFORRA: Massa de Forragem (kg MS/ha).

1:BRS 1055, 2: Sint 10771-BRS 4107, 3: Sint 10717, 4:Sint 10795-BRS 4105, 5:UFVM100(HS)C1, 6:Potiguar-G13, 7:BRS Gorutuba, 8:CAPO, 9:BR5037-Cruzeta-G19, 10:HTC-SP1, 11:HTCms-CAPO, 12:HTC771, 13:HTC717, 14:HTC795, 15:HTC707, 16:HTC781, 17:HSmsxHTMV1, 18:HI(771xHTMV1), 19:PC0904, 20:IPR164, 21:PC0905, 22:HI(707xHTMV1), 23:HTC697, 24:Sint. Super Prec1, 25:BRS3046, 26:HTCms15672, 27:MC 50, 28:MC 20, 29:MC 60, 30:AL 2015, 31:AL AVARÉ, 32:98CV02, 33:HIV 473451, 34:HIV 2564260, 35:BR2121QPM e 36:UFVM200(HS)C1.

A capacidade de discriminação das variáveis é uma medida importante, pois, uma vez que a variável não possui capacidade de discriminação, esta não fornece informações sobre os genótipos, tornando-se de pequena utilidade. E a mensuração da representatividade de uma variável é importante, pois se esta não for representativa não se torna útil, podendo ter um viés na informação sobre um determinado genótipo avaliado. Deste modo, o gráfico denominado “Discriminateness vs. Representativeness” (Discriminante vs Representante) faz menção sobre as variáveis que são discriminantes e representativas (Figura 5B).

De acordo com Oliveira et al. (2019), uma variável ideal deve discriminar os genótipos e ser representativa de outras características, sendo assim esta considera que deve apresentar altos valores no CP1, possuindo assim maior capacidade de discriminação, e menores valores de CP2, obtendo maior representatividade.

No gráfico observa-se a formação de vetores e os círculos concêntricos. Os círculos concêntricos no *biplot* ajudam a visualizar o comprimento dos vetores, que é proporcional ao desvio-padrão dentro das respectivas variáveis e é uma medida da capacidade de discriminar as variáveis (ABREU, 2018). Entende-se assim que as variáveis como índice de massa seca, peso de planta e massa fresca auxiliam na discriminação dos genótipos.

É possível observar no gráfico um pequeno círculo no final da flecha, esta representa a média de todas as variáveis e a linha representa a coordenada média de todas as variáveis. Quanto menor for o ângulo do vetor da variável com relação a coordenada média, mais representativa é a variável. Sendo assim a variável mais representativa é o índice de massa seca. Já as variáveis como massa de forragem, massa seca, altura de planta e diâmetro do colmo não foram discriminatórias nem representativas, mostrando ser variáveis não úteis para selecionar genótipos adaptados.

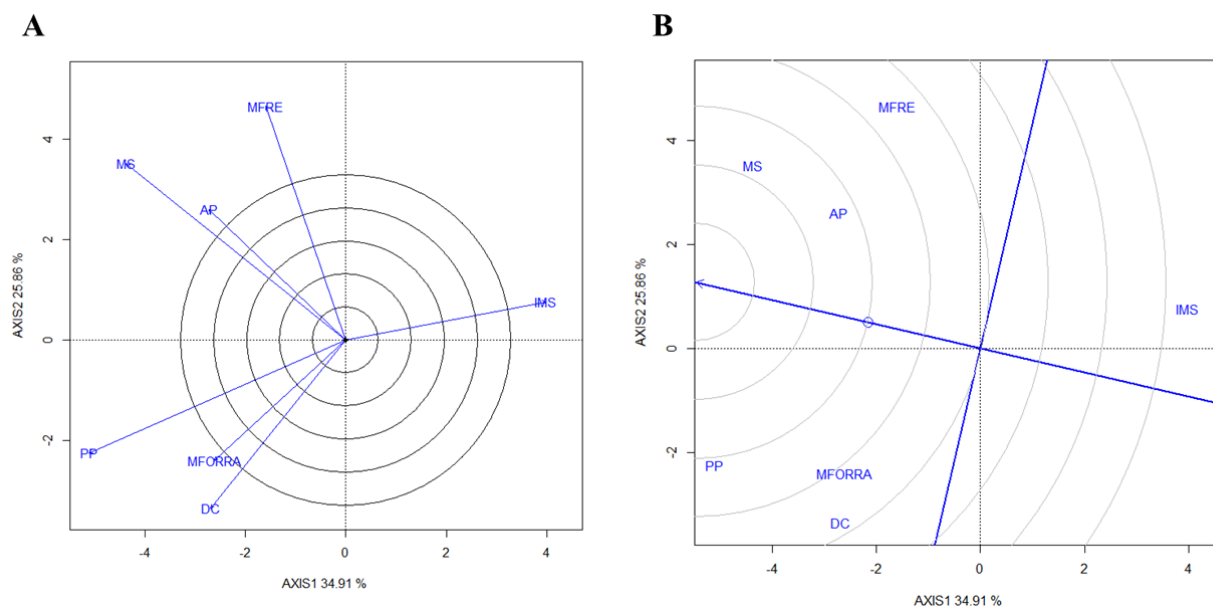
A partir dos grandes grupos feito pela Figura 1A e as informações contidas na Figura 5B, é possível observar que as variáveis mais discriminatórias como a MFRE, IMS e PP estão em diferentes grupos que possuem diferentes “genótipos vértices”, demonstrando assim que há variabilidade genética e genótipos adaptados com alta produtividade para a região do alto sertão.

A correlação entre as variáveis é apresentada pela Figura 6A. Segundo Oliveira et. al. (2018) os ângulos agudos ( $<90^\circ$ ) são positivamente correlacionados, enquanto que ângulos obtusos ( $>90^\circ$ ) são negativamente correlacionados. Os vetores formando um ângulo reto ( $=90^\circ$ ) não são correlacionados, enquanto aqueles formando ângulos de  $180^\circ$  são fortemente correlacionados negativamente.

Entende-se assim que as variáveis, altura da planta, massa seca e massa fresca, são positivamente correlacionadas, influenciando uma variável na outra, pois quanto maior o porte de uma planta maior será sua quantidade de massa. Da mesma forma, variáveis, peso de planta, diâmetro de colmo e massa de forragem são positivamente correlacionadas. Sendo assim, na busca de plantas com genótipos referentes a produção de massa de forragem, demonstra-se que quanto maior o peso da planta e seu diâmetro de colmo maior será sua produção.

O Índice de massa seca é uma variável discriminante e representativa, como visto anteriormente, porém esta apresenta uma correlação negativa entre as variáveis. Desta forma, IMS pode servir para a seleção indireta, onde os genótipos com maior índice de massa seca apresentam maior produção de forragem.

O teor de massa seca presente no genótipo auxilia na observação da qualidade de silagem, pois possibilita o desenvolvimento das bactérias para a fermentação da silagem, bem como na quantidade que o animal irá consumir, assim quanto menor o teor de massa seca maior será o consumo do alimento (CRUZ, 1998), por isso a avaliação do índice de massa seca torna-se ideal para a seleção indireta de produção de forragem e qualidade do alimento. Porém para melhor representação da qualidade da forragem depende de outras características.



**Figura 6** - GT Biplot chamado de “Relationship among environments” (A) “Ranking environments” (B), para as variáveis AP: Altura da Planta (cm), DC: Diâmetro do colmo (cm), PP: Peso de planta (kg), MS: Massa Seca (kg), MFRE: Massa Fresca (kg), IMS: Índice de Massa Seca e MFORRA: Massa de Forragem (kg MS/ha).

1: BRS 1055, 2: Sint 10771-BRS 4107, 3: Sint 10717, 4: Sint 10795-BRS 4105, 5: UFVM100(HS)C1, 6: Potiguar-G13, 7: BRS Gorutuba, 8: CAPO, 9: BR5037-Cruzeta-G19, 10: HTC-SP1, 11: HTCms-CAPO, 12: HTC771, 13: HTC717, 14: HTC795, 15: HTC707, 16: HTC781, 17: HSmsxHTMV1, 18: HI(771xHTMV1), 19: PC0904, 20: IPR164, 21: PC0905, 22: HI(707xHTMV1), 23: HTC697, 24: Sint. Super Prec1, 25: BRS3046, 26: HTCms15672, 27: MC 50, 28: MC 20, 29: MC 60, 30: AL 2015, 31: AL AVARÉ, 32: 98CV02, 33: HIV 473451, 34: HIV 2564260, 35: BR2121QPM e 36: UFVM200(HS)C1.

A “variável ideal” representada no GT *Biplot* (Figura 6B), é aquela que se apresenta com menor projeção do círculo concêntrico e mais perto das medidas médias, caracterizada pelo círculo no eixo (YOKOMIZO et al., 2017). Demonstrando assim que a altura da planta é uma variável a ser analisada em programas de melhoramento vegetal que se busque a produção de massa, seja ela fresca ou de forragem.

#### 4. Conclusões

Os genótipos HTC795 (14) e HIV 473451 (33), que estão em processo de melhoramento, se destacaram nas avaliações feitas, sendo genótipos propícios a serem usados na região do Alto Sertão Sergipano.

O genótipo HTC 795 (14) é o mais próximo do genótipo ideal dentre o conjunto avaliado.

As variáveis índice de massa seca, peso de planta e massa fresca possuem maior capacidade de discriminar genótipos.

## 5. Literatura Citada

- ABREU, Hadassa Kathyuci Antunes de. **Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijão-caupi via REML/BLUP e GGE-Biplot**. 2018. 46 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Agronomia, Produção Vegetal, Universidade Federal de Grande Dourados, Dourados, 2018.
- ARAÚJO, Wagner Oliveira de; COELHO, Clarimar Jose. **Análise de Componentes Principais (PCA)**. Anápolis: Centro Universitário de Anápolis, 2009.
- ARTUZO, Felipe Dalzotto et al. O Potencial produtivo brasileiro: Uma análise histórica da produção de milho. **Revista em Agronegócio e Meio Ambiente**, v. 12, n. 2, p. 515-540, 2019.
- CRUZ, José Carlos. **Cultivares de milho para silagem**. Congresso Nacional dos Estudantes de Zootecnia, Viçosa: Embrapa, 1998. 12 p.
- GURGEL, Fábio de Lima; FERREIRA, Daniel Furtado; SOARES, Ana Carolina. Soares e. O Coeficiente de Variação como Critério de Avaliação em Experimentos de Milho e Feijão. **Embrapa Amazônia Oriental – Boletim de Pesquisa de Desenvolvimento (INFOTECA-E)**, Belém – PA. 2013.
- OLIVEIRA, Tâmara Rebecca Albuquerque de et al The performance of bean pod lineage inoculated with *Gluconacetobacter diazotrophicus* PAL5. **Scientia Horticulturae**. v.249, p.65–70, 2019.
- OLIVEIRA, Tâmara Rebecca Albuquerque de et al. The GT biplot analysis of green bean traits. **Ciência Rural**, v.48, n.6, 2018.
- R Foundation. **R: the R project for statistical computing**. 2017. Disponível em: <https://www.r-project.org/>. Acesso em: 07/03/2019.
- SANTOS, Adriano dos et al. Projeção GGE Biplot na discriminação da eficiência de linhas de pipoca no uso de nitrogênio **Ciência e Agrotecnologia**, v. 41, n. 1, p. 22-31, 2017.
- SANTOS, Rafael Dantas dos et al. Características agrônomicas de variedades de milho para produção de silagem. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, v. 32, n. 4, p. 367-373, 2010.
- SELESTRINO, Paulo Rogério. **Desempenho agrônômico, adaptabilidade e estabilidade de genótipos precoces de soja**. 2018. 26 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Agronomia, Produção Vegetal, Universidade Estadual Paulista - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, 2018
- SOUZA, Édila Cristina de. **Os Métodos Biplot e Escalonamento Multidimensional nos delineamentos Experimentais**. 2010. 117 f. Tese (Doutorado) - Curso de Ciências, Estatística e Experimentação Agrônômica, – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2010.
- SUREG/SE – Superintendência Regional de Sergipe. **8º Levantamento de Safra de Grão 2019 – Estado de Sergipe**. Companhia Nacional de Abastecimento, Aracaju, 2019.
- VALENTINI, Lucia et al. **Desempenho de variedades de milho em Campos dos Goytacazes-RJ Ano Agrícola 2016-2017**. 114. ed. Niterói: PESAGRO-RIO, 2017.

YAN, Weikai; KANG, Manjit S. **GGE Biplot Analysis: A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists**. 1 ed. 288p. 2003.

YAN, Weikai; TINKER, Nicholas A. Análise biplot de dados de ensaios multi-ambiente: Princípios e aplicações. **Revista canadense de ciência de plantas**, v. 86, n. 3, p. 623-645, 2006.

YANG, Rong-Cai et al. Análise biplot da interação genótipo  $\times$  ambiente: Prossiga com cuidado. **Crop Science**, v. 49, n. 5, p. 1564-1576, 2009.

YOKOMIZO, G. K. I. et al. Análise GGE biplot na avaliação de características de cachos em açaizeiros da região Amazônica. **Embrapa Amapá-Artigo em periódico indexado (ALICE)**, 2017.

ZEOULA, Lúcia Maria et al. Avaliação de cinco híbridos de milho (*Zea mays*, L.) em diferentes estádios de maturação. 4. Digestibilidade da matéria seca, matéria orgânica e fibra em detergente neutro da porção vegetativa e planta inteira. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 3, p. 567-575, 2003.

### **CAPÍTULO III – Formação de blocos de cruzamentos em genótipos de milho com potencial forrageiro**

#### **1. Introdução**

No Brasil, há aproximadamente 4 milhões de hectares destinados ao plantio de milho silagem (CONAB, 2018). O milho possui características favoráveis para a produção de silagem como, alta produção de massa seca por unidade de área, facilidade de colheita mecânica, excelente qualidade de fermentação, manutenção do valor nutritivo da massa ensilada e o baixo teor de fibra em detergente neutro – FDN (CARVALHO et al., 2015).

A silagem de milho é utilizada principalmente na dieta das vacas leiteiras, sendo as regiões sul e sudeste do Brasil as que mais produzem silagem de milho (PEREIRA, 2013). No Nordeste, os estados que apresentaram maior produção de leite no 1º Trimestre de 2019 foram Bahia, seguido pelo Ceará e Pernambuco. Observou-se também aumento na produção da Paraíba (39 %), Sergipe (28,5%) e Alagoas (26,35 %) (MILK POINT, 2019).

O fornecimento da forragem, na forma de silagem, é uma alternativa bastante eficaz na solução de problemas de escassez de alimento no período seco para o rebanho nacional. Assim, a silagem fornecida aos animais no período de estiagem permite que o rebanho entre no período chuvoso com boa massa corporal (FERNANDES; EVANGELISTA; BORGES, 2016).

O milho é a cultura de referência para produção de silagem, entretanto, seu cultivo limita-se às condições climáticas existentes em cada região, que quando não atendidas impactam profundamente na produtividade e qualidade das silagens obtidas (DUNIÈRE et al., 2013). O uso de genótipos melhorados de milho, mais produtivos e adaptados às condições do ambiente tem sido apontado como responsável pelas silagens de melhor qualidade e, conseqüentemente, maior produção animal (MELO et al., 2018).

A falta de programas de melhoramento com finalidade de obtenção de melhores genótipos de milho com aptidão forrageira no semiárido, supere o conhecimento sobre a variabilidade e dissimilaridade dos genitores a fim de formar blocos de cruzamentos com o objetivo de aumentar a média das características avaliadas com o cruzamento de indivíduos superiores e explorar o fenômeno de heterose nos híbridos.

A análise de divergência genética, permite avaliar a variabilidade e divergência dos genótipos, sendo caracterizada pela transformação de um grupo heterogêneo, em dois ou mais grupos homogêneos, visto que os genótipos alocados em um mesmo grupo são similares. Este estudo auxilia a observação da variabilidade entre os genótipos, proporcionando assim cruzamentos entre materiais contrastantes e ganhos com a seleção (ALVES et al., 2015).

Na predição da divergência genética são utilizados diversos métodos da análise multivariada, por exemplo componentes principais, variáveis canônicas e métodos aglomerativos, para isso é necessário obter as medidas de dissimilaridade estimadas por meio da distância euclidiana ou distância generalizada de Mahalanobis (NARDINO et al., 2017). Desta, a distância generalizada de Mahalanobis é a mais utilizada por considerar a variabilidade entre as variáveis e as correlações existentes entre elas (FERREIRA, 2011).

Diante do exposto, objetivou-se obter blocos de cruzamento de genótipos de milho com potencial forrageiro avaliados em região semiárida.

## 2. Metodologia

### 2.1. Local e Clima

O experimento foi realizado, entre os meses de maio a agosto de 2018, na Fazenda experimental da Embrapa - Semiárido no município de Graccho Cardoso, região do Alto Sertão Sergipano. Segundo a classificação de Köppen, o tipo climático é o BSsh' – clima muito quente tipo estepe, estação chuvosa no inverno. Os dados climáticos presentes na Tabela 1, foram registrados pela estação meteorológica automática de Nossa Senhora da Glória – SE (INMET), que está localizada no Instituto Federal de Educação (IFS).

**Tabela 1** – Dados Climáticos Registrados pelo INMET no período 01/05/2018 a 31/08/2018.

Mês	Temperatura (°C)		Umidade (%)		Radiação (kJ/m <sup>2</sup> )	Chuva (mm)
	Máx.	Mín.	Máx.	Mín.		
<b>Maio</b>	24,9	23,7	84,2	78,5	996,2	46,8
<b>Junho</b>	23,7	22,6	84,5	79,0	1115,3	41,8
<b>Julho</b>	22,8	21,8	84,9	79,6	943,0	61,4
<b>Agosto</b>	24,1	22,8	78,5	72,5	986,8	21,8

### 2.2 Delineamento experimental e condução do experimento

O delineamento experimental utilizado foi em blocos incompletos em Látice quadrado reticulado 6x6 com duas repetições (Figura 1) e, portanto, 36 tratamentos (Tabela 2). Cada parcela constituiu-se de duas linhas de quatro metros, espaçadas em 0,20 m entre plantas e 0,80 m entre

linhas, totalizando 22 plantas por linha, com estande final estimado de 55.000 plantas por hectare (Figura 2). A semeadura foi realizada manualmente com uma semente por cova. Para se obter o efeito bordadura dentro da parcela, foi adicionado duas sementes na primeira cova e na última cova da linha. Na bordadura da área experimental foi usado cultivares de milho convencional, com o mesmo espaçamento adotado na parcela experimental.

		Repetição 1							Repetição 2						
	BORDADURA														
1 bloco	B O R D A D U R A	T1	T2	T3	T4	T5	T6		T1	T7	T13	T19	T25	T31	B O R D A D U R A
1 bloco		T1	T2	T3	T4	T5	T6		T1	T7	T13	T19	T25	T31	
2 bloco		T7	T8	T9	T10	T11	T12		T2	T8	T14	T20	T26	T32	
2 bloco		T7	T8	T9	T10	T11	T12		T2	T8	T14	T20	T26	T32	
3 bloco		T13	T14	T15	T16	T17	T18		T3	T9	T15	T21	T27	T33	
3 bloco		T13	T14	T15	T16	T17	T18		T3	T9	T15	T21	T27	T33	
4 bloco		T19	T20	T21	T22	T23	T24		T4	T10	T16	T22	T28	T34	
4 bloco		T19	T20	T21	T22	T23	T24		T4	T10	T16	T22	T28	T34	
5 bloco		T25	T26	T27	T28	T29	T30		T5	T11	T17	T23	T29	T35	
5 bloco		T25	T26	T27	T28	T29	T30		T5	T11	T17	T23	T29	T35	
6 bloco		T31	T32	T33	T34	T35	T36		T6	T12	T18	T24	T30	T36	
6 bloco		T31	T32	T33	T34	T35	T36		T6	T12	T18	T24	T30	T36	
	BORDADURA														

**Figura 1** - Croqui da área experimental, sendo os genótipos os 36 tratamentos utilizados.

**Tabela 2** – Tratamentos, tipo, ciclo, fase e obtentor das cultivares avaliadas no experimento, conduzido na fazenda experimental da Embrapa Semiárido, localizada no município de Feira Nova – SE, nos anos agrícolas 2018/2019.

Tratamento	Cultivar	Tipo	Ciclo	Fase	Obtentor
1	BRS 1055	HS	P/N	Comercial	Embrapa
2	Sint 10771 – BRS 4107	V	P/N	Comercial	Embrapa
3	Sint 10717	V	P/N	Experimental	Embrapa
4	Sint 10795-BRS 4105	V	P/N	Comercial	Embrapa
5	UFVM100(HS)C1	V	P/N	Experimental	UFV
6	Potiguar-G13	V	P/N	Comercial	EMPARN
7	BRS Gorutuba	V	SP	Comercial	Embrapa
8	CAPO	V	SP	Pré-Comercial	Embrapa
9	BR5037-Cruzeta G19	V	SP	Comercial	EMPARN
10	HTC-SP1	HTC	SP	Experimental	Embrapa
11	HTCms-CAPO	HTC	SP	Experimental	Embrapa
12	HTC771	HTC	P/N	Experimental	Embrapa
13	HTC717	HTC	P/N	Experimental	Embrapa
14	HTC795	HTC	P/N	Experimental	Embrapa
15	HTC707	HTC	P/N	Experimental	Embrapa
16	HTC781	HTC	P/N	Experimental	Embrapa
17	HSmsxHTMV1	HTC	P/N	Experimental	Embrapa
18	HI(771xHTMV1)	HI	P/N	Experimental	Embrapa



19	PC0904	V	P/N	Experimental	IAPAR
20	IPR164	V	P/N	Experimental	IAPAR
21	PC0905	V	P/N	Experimental	IAPAR
22	HI(707xHTMV1)	HI	P/N	Experimental	Embrapa
23	HTC697	HTC	P/N	Experimental	Embrapa
24	Sint. Super Prec1	V	SP	Experimental	Embrapa
25	BRS3046	HT	P/N	Comercial	Embrapa
26	HTCms15672	HTC	P/N	Experimental	Embrapa
27	MC 50	V	P/N	Experimental	Embrapa
28	MC 20	V	P/N	Experimental	Embrapa
29	MC 60	V	P/N	Experimental	Embrapa
30	AL 2015	V	P/N	Experimental	CATI
31	AL AVARÉ	V	P/N	Comercial	CATI
32	98CV02	HI	P/N	Experimental	CATI
33	HIV 473451	HI	P/N	Experimental	Embrapa
34	HIV 2564260	HI	P/N	Experimental	Embrapa
35	BR2121 (QPM)	HD	P	Comercial	Embrapa
36	UFVM200(HS)C1	V	P/N	Experimental	UFV

HD = Híbrido Duplo; HS = Híbrido Simples; HI = Híbrido Intervarietal; HT = Híbrido Triplo; V = Variedade; HTC = Híbrido Top-cross; P/N = Precoce/Normal; SP = Super-precoces.

**Fonte:** VALENTINI, et al., 2017.



**Figura 2** - Implantação do experimento: A- Organizações da cultivares de milho na caixa; B – Plantio manual das cultivares de milho; C – Milho emergindo e D – Área experimental com folhas cotiledonares.

A área foi preparada revolvendo o solo a 30 cm de profundidade, com auxílio de um arado de disco e posteriormente foi usado a grade niveladora. Em seguida foram feitos os sulcos de plantio na regulagem de 80 cm de distância entre as hastes e 10 cm de profundidade, e a demarcação da parcela experimental. Não houve suplementação com irrigação durante a condução do experimento.

De acordo com a análise de solo (Tabela 3), foi realizada a adubação de fundação, no dia 24/05/2018, adicionando manualmente 96 g do adubo comercial 10-30-10 em cada linha de plantio. Já a adubação de cobertura foi parcelada em duas vezes, sendo a primeira realizada no dia 26/06/2018 e a segunda dia 04/07/2018, onde foi adicionado de forma manual 48 g de Sulfato de Amônio em cada linha, a 5 cm da planta.

**Tabela 3** – Análise química do solo realizada pelo Laboratório de Solos da Embrapa Tabuleiro Costeiros.

M.O.	pH em H <sub>2</sub> O	Ca	Mg	H+Al	Al	P	K	Na
(g kg <sup>-1</sup> )				(mmol <sub>c</sub> dm <sup>-3</sup> )		(mg dm <sup>-3</sup> )		
22,54	5,83	19,63	18,99	48,02	0,39	1,84	134,91	23,55

M.O. – Matéria Orgânica; Ca – Cálcio; Mg – Magnésio; H+Al – Hidrogênio mais alumínio; Al - Alumínio; P – Fósforo, K – Potássio e Na - Sódio.

Além disso, devido a várias injúrias causadas pela Lagarta do cartucho [*Spodoptera frugiperda* (J. E., Smith, 1797)], efetuou-se a aplicação no dia 04/07/2018, após a adubação de cobertura, do inseticida sistêmico Brilhante. Por fim, no dia 10/07/2018, a área foi pulverizada com o herbicida comercial Atrazina no dia, do grupo químico triazina, com dose de 12,5 mL/litro.

### 2.3 Variáveis analisadas

Por ocasião do florescimento, as parcelas foram devidamente etiquetadas, permitindo boa precisão de avaliação e identificação. Assim foi realizado a mensuração das variáveis:

- Altura média da planta – AP: foram avaliadas a média de oito plantas presentes na parcela por meio de uma régua graduada;
- Diâmetro do colmo – DC: mediu-se a média do diâmetro do colmo de oito plantas dentro da parcela com o auxílio de um paquímetro;

- Peso da amostra – PP: Todas as plantas da parcela foram cortadas, etiquetadas e pesadas em uma balança digital (Figura 3 C);
- Peso médio de massa fresca – MFRE: Todas as plantas das parcelas foram trituradas em uma forrageira e em seguida foi retirado duas amostras da parte aérea da e pesadas em uma balança digital; (Figura 3 E);
- Peso médio de massa seca – MS: As duas amostras MFRE foram colocadas em uma estufa, por onde ficaram três dias, depois retiradas e pesadas novamente;
- Índice de massa seca - Dados obtido por meio da Equação 1;

$$IMS = MS / MFRE \quad (1)$$

Onde:

IMS – Índice de massa seca;

MS- Peso médio da massa seca;

MFRE – Peso médio de massa fresca;

- Peso médio de massa de forragem – MFORRA: foi obtido através da Equação 2;

$$MFORRA = \frac{\text{Peso da amostra (g)} * IMS}{\text{Área amostral}} * 10 \quad (2)$$

Onde:

MFORRA – Massa de Forragem;

IMS – Índice de massa seca;



**Figura 3** - Avaliações: A – Etiquetagem das plantas; B – Avaliação e posterior corte; C – Pesando plantas presente nas parcelas; D – Moendo as plantas em uma forrageira; E – Separando as amostras, pesando e identificado e F – Amostras acondicionada em estufa (secagem).

## 2.4. Análises estatísticas

Os dados de cada variável foram submetidos a análise de variância em látices com recuperação da informação interblocos (ANOVA). A obtenção das medidas de dissimilaridade, o agrupamento de Tocher e a correlação fenotípica das variáveis foram realizadas por meio da distância generalizada de Mahalanobis (1936), Equação (3):

$$[X_a - X_b]' S^{-1} [X_a - X_b] \quad (3)$$

Onde:

$X_a$  - é o vetor de caracteres do indivíduo “a”;

$X_b$  - é o vetor de caracteres do indivíduo “b”;

“S” - é a matriz de variância amostral da população.

Para se estimar a contribuição de cada variável para observação da dissimilaridade foi utilizado o critério de Singh (1981).

Os procedimentos estatísticos foram processados por meio do aplicativo computacional em genética e estatística, GENES (CRUZ, 2013).

Posteriormente para se realizar a análise de agrupamento, foi obtida a estimativa do coeficiente de correlação cofenética como ferramenta para escolha do melhor método de agrupamento. (SOKAL; ROHLF, 1962), Equação (4).

$$CCC = \frac{C\hat{o}v(F,C)}{\sqrt{V(F)V(C)}} \quad (4)$$

Onde:

CCC- Coeficiente Correlação cofenética;

F - matriz fenética;

C - matriz cofenética.

A partir da matriz de similaridade, obteve-se a matriz de dissimilaridade, na qual alocou-se os acessos em grupos de modo hierárquico, pela ligação média entre grupo (UPGMA), verificando-se o coeficiente de correlação cofenética (STRECK et al., 2017)

A análise de UPGMA foi realizada através do software R Foundation (2017). O corte no dendrograma foi realizado por meio da análise “cutree”, que leva em consideração a variância mínima para formação dos grupos (REIS, 2014).

### 3. Resultados e Discussão

Observou-se diferença significativa entre os genótipos para todas as variáveis, demonstrando assim que pelo menos um genótipo é superior em relação a variável estudada (Tabela 5). Os coeficientes de variação (CV) estão dentro dos limites estabelecidos na literatura, apontando a acurácia do experimento e precisão na estimativa da média (SCAPIM; CARVALHO; CRUZ, 1995).

**Tabela 5** - Análise de variância com os tratamentos ajustados com recuperação da informação de interblocos, avaliadas na fazenda experimental da Embrapa - Semiárido.

FV	GL	QM						
		AP	DC	PP	MFRE	MS	IMS	MFORRA
<b>Trat (Ajust.)</b>	35	108,62*	0,0336*	0,3429*	0,0057**	0,00039*	0,0017*	28408,9**
<b>Resíduo Intrabl.</b>	25	23,99	0,0162	0,2902	0,0067	0,00037	0,0005	34350,18
<b>Fator de ajuste</b>		0,1168	0,735	0,048	0,0644	0,0633	0,108	0,0232
<b>CV (%)</b>		9,42	7,38	16,08	18,26	13,86	7,55	17,07

<b>Média</b>	51,96	1,72	3,34	0,44	0,13	0,31	1085,44
--------------	-------	------	------	------	------	------	---------

\* e \*\*, significa, significativo a 1% e a 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F. AP: Altura da Planta, DC: Diâmetro do colmo, PP: Peso de planta (kg), MFRE: Massa Fresca (kg), MS: Massa Seca (kg), PMS: Porcentagem de Massa Seca e MFORRA: Massa de Forragem (kg MS/ha)

A altura da planta apresentou média (51.96 cm) abaixo da média esperada ao comparar com a obtida por Valentini et al. (2018) que ao realizar o experimento com os mesmos genótipos, mas em localidade diferente, observaram altura média de 210 cm. A altura média das plantas foi baixa devido a safra de 2018 ter sido uma safra de baixo índice pluviométrico com alto estresse observado nas parcelas.

Variáveis como peso de planta, massa seca, massa fresca, índice de massa seca e massa de forragem foram significativas, demonstrando que pelo menos um genótipo foi superior na produção de massa em geral. Porém as médias destas variáveis ainda são baixas quando se compara com a literatura (SIMÃO et al., 2015; NEUMANN et al., 2017; FERREIRA et al., 2017).

No que diz respeito a formação dos blocos de cruzamentos percebe-se que os 36 genótipos formaram 8 grupos, demonstrando que estes são contrastantes para as características avaliadas (Tabela 6).

**Tabela 6** – Agrupamento de Tocher com base na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) dos 36 genótipos, com base nas características avaliadas.

<b>Grupos</b>	<b>Genótipos</b>
<b>1</b>	3 27 12 22 4 15 20 10 28 34 23 35 32 26 30 7 19 18 14 13 6 25 17 9 8 24 21
<b>2</b>	29 36
<b>3</b>	5 11
<b>4</b>	33
<b>5</b>	2
<b>6</b>	31
<b>7</b>	1
<b>8</b>	16

Os genótipos são: 1: BRS 1055, 2: Sint 10771-BRS 4107, 3: Sint 10717, 4: Sint 10795-BRS 4105, 5: UFVM100(HS) C1, 6: Potiguar-G13, 7: BRS Gorutuba, 8: CAPO, 9: BR5037-Cruzeta-G19, 10: HTC-SP1, 11: HTCms-CAPO, 12: HTC771, 13: HTC717, 14: HTC795, 15: HTC707, 16: HTC781, 17: HSmsxHTMV1, 18: HI (771xHTMV1), 19: PC0904, 20: IPR164, 21: PC0905, 22: HI (707xHTMV1), 23: HTC697, 24: Sint. Super Prec1, 25: BRS3046, 26: HTCms15672, 27: MC 50, 28: MC 20, 29: MC 60, 30: AL 2015, 31: AL AVARÉ, 32:98CV02, 33: HIV 473451, 34: HIV 2564260, 35: BR2121QPM e 36: UFVM200(HS) C1.

O grupo 1 apresentou 27 materiais, representando 75% dos genótipos estudados, sendo assim, o cruzamento de genótipos desse mesmo grupo não irá aumentar a média, pois, a variabilidade existente é pouca, bem como não irá explorar a heterose para se obter o vigor híbrido desejado. Os grupos 2 e 3 alocaram dois genótipos cada, representando 5,55% dos genótipos. Já

os grupos 4, 5, 6, 7 e 8 alocaram apenas um genótipo. A formação destes grupos juntamente com a estimativa de média auxilia na escolha dos genitores para os programas de melhoramento, pois a hibridação é baseada na magnitude de suas distâncias e no potencial dos genitores (ALMEIDA; PELUZIO; AFFÉRI, 2011).

As correlações entre as características avaliadas auxiliam no programa de melhoramento para inferir sobre uma possível seleção indireta. Na correlação fenotípica, apresentada na Tabela 7, as variáveis peso de planta e massa de forragem apresentaram a maior correlação entre todas variáveis (0,86), assim quanto maior o peso de planta, maior será a massa de forragem. A variável peso de planta e diâmetro do colmo obtiveram correlação de 0,55, desta forma, quanto maior o diâmetro do colmo, maior será o peso da planta, que elevará a produção de forragem, uma vez que, a correlação do diâmetro do colmo com a massa de forragem é de 0,47.

A correlação de peso de planta e diâmetro do colmo foi encontrada também por Beleze et al. (2003), onde explicam que quanto maior os componentes estruturais da planta, maior será a produção de massa de forragem. Os estudos da correlação destas variáveis auxiliam na escolha da formação de blocos de cruzamentos, pois grupos contrastantes que apresentem alta média possuem maior potencial de exploração do vigor híbrido. As variáveis massa seca e massa fresca foram fortemente correlacionadas (0,80), estas variáveis são de grande importância para seleção de milho com finalidade de silagem, auxiliando no dimensionamento do silo e no cálculo de dietas dos animais (MELO et al., 2018).

**Tabela 7** – Coeficiente de correlação fenotípica das variáveis analisadas entre os 36 genótipos.

	<b>DC</b>	<b>PP</b>	<b>MS</b>	<b>MFRE</b>	<b>IMS</b>	<b>MFORRA</b>
<b>AP</b>	0,16	0,34	- 0,13	- 0,08	-0,027	0,39
<b>DC</b>		0,55	- 0,13	0,06	- 0,343	0,47
<b>PP</b>			- 0,15	0,15	- 0,517	0,86
<b>MS</b>				0,80	0,269	- 0,001
<b>MFRE</b>					- 0,326	0,003
<b>IMS</b>						- 0,03

AP: Altura da Planta; DC: Diâmetro do colmo; PP: Peso de planta (kg); MFRE: Massa Fresca (kg); MS: Massa Seca (kg); IMS: Índice de Massa Seca e MFORRA: Massa de Forragem (kg MS/ha)

O índice de massa seca foi negativamente correlacionada com as seis variáveis, sendo a exceção a variável massa seca. A avaliação desta variável não leva ao aumento da massa de forragem, porém é uma variável de extrema importância na avaliação da qualidade da forragem. As plantas de milho devem apresentar teor de MS entre 28 a 35%, assim elas irão auxiliar no



desenvolvimento de bactérias para fermentação e conservação do silo e na quantidade consumida pelos animais, assim, quanto maior o teor de massa seca na forragem, menor será o consumo (CRUZ, 1998). Como podemos observar na Tabela 8, o genótipo PC0905 apresentou maior índice de massa seca com 0.357 ou 35.7% de MS, estando dentro do ideal. Sendo que os 34 genótipos aqui estudados estiveram dentro dessa margem, com exceção apenas dos genótipos UFVM100(HS) C1 e HIV 473451.

**Tabela 8** – Médias dos genótipos avaliados para as características de Altura da Planta, Diâmetro do colmo, Peso de planta (kg), Massa Fresca (kg), Massa Seca (kg), Índice de Massa Seca e Massa de Forragem (kg MS/ha).

<b>Genótipo</b>	<b>AP</b>	<b>DC</b>	<b>PP</b>	<b>MFRE</b>	<b>MS</b>	<b>IMS</b>	<b>MFORRA</b>
BRS 1055	62,19	1,6	2,788	0,121	0,391	0,332	958,97
Sint 10771 – BRS 4107	67,56	1,8	3,078	0,159	0,471	0,336	1075,60
Sint 10717	51,25	1,7	3,490	0,134	0,454	0,299	1080,24
Sint 10795-BRS 4105	52,19	1,7	3,755	0,135	0,446	0,307	1209,20
UFVM100(HS)C1	53,13	1,8	3,868	0,104	0,373	0,277	1116,21
Potiguar-G13	52,19	1,8	3,993	0,124	0,415	0,298	1239,21
BRS Gorutuba	54,38	1,8	3,255	0,140	0,406	0,346	1177,28
CAPO	66,00	1,9	3,620	0,125	0,410	0,310	1165,05
BR5037-Cruzeta G19	60,31	1,8	3,533	0,110	0,358	0,318	1155,78
HTC-SP1	58,13	1,6	3,415	0,136	0,406	0,333	1172,24
HTCms-CAPO	49,06	2,0	3,863	0,121	0,428	0,282	1121,18
HTC771	52,69	1,8	3,710	0,138	0,461	0,300	1156,32
HTC717	44,38	1,9	3,638	0,148	0,446	0,329	1239,54
HTC795	55,63	1,9	4,068	0,160	0,538	0,299	1269,49
HTC707	47,75	1,8	4,043	0,138	0,455	0,308	1299,94
HTC781	51,44	1,9	3,460	0,180	0,566	0,342	1220,75
HSmsxHTMV1	54,56	1,9	3,040	0,131	0,421	0,310	1005,15
HI(771xHTMV1)	62,31	1,8	3,810	0,135	0,455	0,299	1185,20
PC0904	47,06	1,8	3,113	0,156	0,521	0,306	972,56
IPR164	51,69	1,7	3,423	0,140	0,414	0,341	1209,97
PC0905	45,56	1,6	2,720	0,119	0,343	0,357	993,31
HI(707xHTMV1)	50,25	1,8	3,740	0,134	0,434	0,307	1201,23
HTC697	51,25	1,7	3,085	0,148	0,498	0,299	956,27
Sint. Super Prec1	50,19	1,5	2,790	0,153	0,429	0,354	1029,51
BRS3046	47,63	1,7	2,718	0,136	0,459	0,298	842,43
HTCms15672	47,38	1,9	3,330	0,129	0,443	0,291	1008,03
MC 50	50,06	1,7	3,530	0,128	0,421	0,305	1122,34
MC 20	55,81	1,6	3,418	0,154	0,475	0,323	1151,89
MC 60	43,75	1,6	2,435	0,134	0,415	0,327	795,52
AL 2015	48,00	1,7	2,950	0,150	0,445	0,338	1033,93
AL AVARÉ	41,88	1,6	2,590	0,144	0,499	0,289	777,67
98CV02	43,75	1,9	3,270	0,145	0,476	0,305	1047,14
HIV 473451	57,38	1,7	3,925	0,149	0,563	0,266	1085,24



HIV 2564260	52,25	1,6	3,518	0,150	0,514	0,293	1073,62
BR2121 (QPM)	48,13	1,8	3,170	0,148	0,450	0,328	1081,52
UFVM200(HS)C1	43,44	1,5	2,420	0,154	0,446	0,348	846,48

As características que apresentaram maior contribuição para a dissimilaridade genética, foram peso de planta (41,15%) e massa seca (29,51%) (Tabela 9). Estas características servem para auxiliar na escolha dos genitores para o programa de melhoramento, observando a sua produção (MELO et al., 2019).

**Tabela 9** – Contribuição relativa das variáveis estudadas em relação aos 36 genótipos, pelo método proposto por Singh (1981).

Variável	Singh	Valor (%)
<b>Altura de Planta</b>	673,23	13,20
<b>Diâmetro do Colmo</b>	779,93	15,29
<b>Peso de Planta</b>	2098,72	41,15
<b>Massa Fresca</b>	-386,88	-7,58
<b>Massa Seca</b>	1505,14	29,51
<b>Índice de massa seca</b>	539,57	10,57
<b>Massa de forragem</b>	-109,56	-2,14

As características massa fresca e massa de forragem não contribuíram para a observação da dissimilaridade genética. A contribuição relativa dos caracteres auxilia os melhoristas sobre a viabilidade das variáveis no estudo de divergência genética, para possíveis eliminações de características de menor importância (SILVA, 2018).

As dissimilaridades dos genótipos foram apresentadas na Tabela 10 por meio da distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), o par de genótipo 5;16 obtiveram a maior distância,  $D^2 = 39,81$ , seguido pelos pares 11;16 com  $D^2 = 32,66$  e 1;11 com  $D^2 = 30,25$ . Os genótipos que se apresentaram com menor distância foram 3;27 ( $D^2 = 0,25$ ), seguidos pelos pares 3;12 ( $D^2 = 0,46$ ), 12;22 ( $D^2 = 0,50$ ), 22;27 ( $D^2 = 0,56$ ), 12;27 ( $D^2 = 0,61$ ), 4;27 ( $D^2 = 0,65$ ), 3;4 ( $D^2 = 0,75$ ) e 4;12 ( $D^2 = 0,90$ ). No geral os genótipos 36 e 16 apresentaram ampla divergência com a maioria dos genótipos estudados.

Para fins de hibridação, os genótipos com maior distância são os recomendados para os programas de melhoramento, pois podem gerar variabilidade que é essencial para seleção de progênies superiores. No entanto, além da dissimilaridade, deve-se observar a média da produtividade dos genótipos, a fim de se obter maior heterose (MELO et al., 2019). Se a condição ideal de média elevada e alta dissimilaridade não for encontrada, é possível optar por genótipos com dissimilaridade intermediária e alta produtividade (HAULLER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

É notório a relação dos resultados da Tabela 6 com a Tabela 10, visto que os genótipos (3, 27, 12, 22 e 4) presentes no grupo 1 do agrupamento de Tocher apresentaram a maior similaridade, e o grupo 3 e o grupo 8 apresentaram maior dissimilaridade. Estes resultados corroborando com o que é esperado por Cruz, Ferreira e Pessoni (2011) em encontrar alto grau de similaridade dos genótipos no mesmo grupo e alto grau de dissimilaridade entre os grupos.

**Tabela 10** – Dissimilaridade dos 36 genótipos de milho em relação as variáveis, de acordo com a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ).

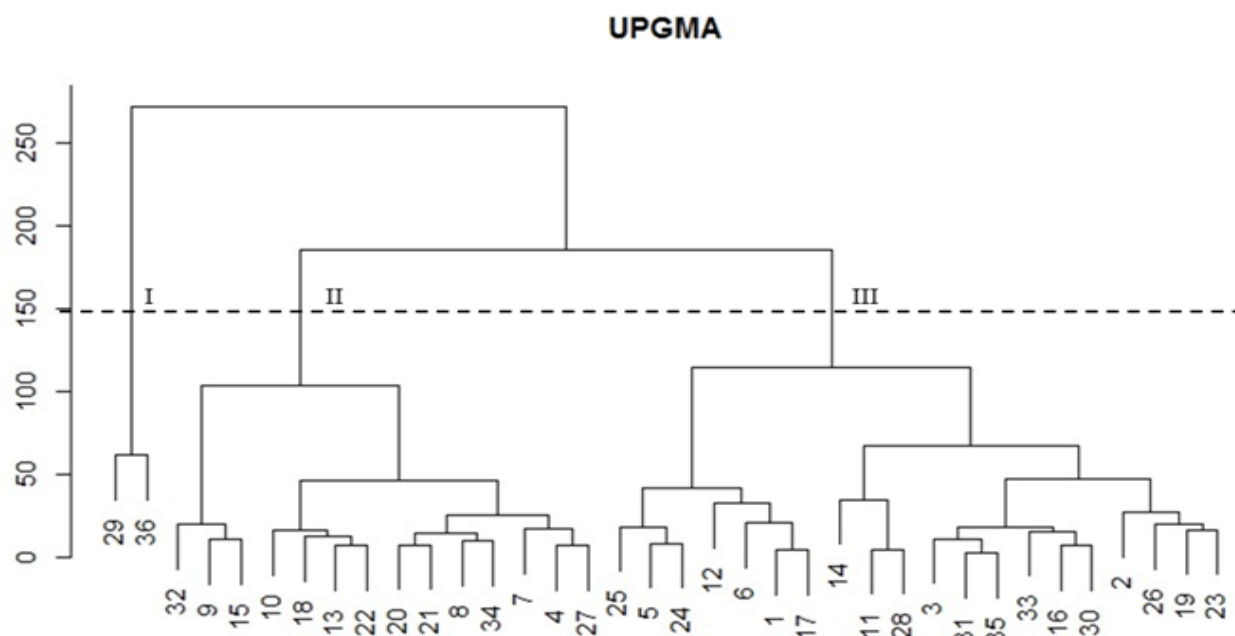
Cultivares	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36
1	17.56	9.13	8.86	26.82	17.11	10.09	10.86	7.70	9.83	30.25	11.61	21.65	15.90	12.89	14.13	13.04	11.45	12.35	8.99	6.31	14.05	8.13	13.57	10.63	15.06	10.25	10.63	15.45	13.83	13.30	15.15	11.12	9	13.81	23.26
2		11.07	11.43	20.83	14.02	3.82	6.08	11.07	6.62	17.12	9.54	8.18	8.27	14.89	15.98	5.96	6.81	9.33	7.08	18.28	9.73	9.99	11.15	11.42	10.27	11.45	6.46	16.06	6.41	20.60	9.23	21.17	13	5.98	21.07
3			0.75	8.07	2.39	4.16	5.61	4.01	2.03	9.15	0.46	5.28	3.82	1.75	14.47	6.00	2.75	3.27	1.91	5.12	1.06	1.68	6.11	3.79	1.99	0.25	2.41	6.10	3.76	7.78	2.95	4.68	1.18	2.76	12.28
4				10.05	2.61	3.62	5.02	3.67	1.99	11.67	0.90	5.62	3.39	0.86	12.99	6.26	2.57	5.12	1.38	6.79	1.07	2.88	7.55	5.80	3.66	0.65	2.25	10.29	5.29	9.91	4.01	5.49	1.73	3.70	16.75
5					2.96	15.21	9.52	8.04	10.01	2.96	6.83	11.79	12.63	10.09	39.81	14.40	7.12	16.91	13.24	18.58	6.26	15.40	21.08	16.00	6.38	6.89	14.77	16.23	15.61	25.35	13.08	15.55	13.85	13.23	25.71
6						7.16	5.40	4.11	3.51	4.70	1.33	5.59	4.50	2.31	23.12	9.52	2.41	8.97	4.68	10.93	1.14	7.67	11.93	10.36	3.52	1.75	5.94	11.94	8.23	17.35	6.69	7.81	5.5	6.24	18.84
7							3.86	4.98	2.69	13.02	3.62	3.38	4.31	5.53	9.88	2.95	3.65	4.40	1.07	8.41	3.42	4.47	7.03	5.89	4.59	4.00	2.71	10.55	2.75	12.41	3.28	13.48	6.24	1.81	16.82
8								1.40	4.29	10.07	4.42	8.61	5.97	7.46	19.09	4.97	1.10	10.62	5.23	13.60	4.78	9.04	15.43	10.87	6.08	5.24	7.03	17.16	9.80	20.44	8.83	12.62	9.57	7.65	26.89
9									4.20	10.12	3.67	9.83	7.17	5.48	19.51	6.87	1.87	10.40	4.77	8.68	4.35	8.28	14.61	10.15	5.68	3.60	7.66	14.47	10.18	18.29	9.04	9.65	8.02	8.32	24.39
10										11.80	1.77	5.68	4.34	3.77	15.37	6.27	2.34	5.93	1.19	6.90	1.91	3.66	4.25	6.56	4.86	1.91	1.06	8.33	3.48	12.38	5.56	8.39	3.1	2.92	12.62
11											6.84	7.01	9.17	10.34	32.66	13.78	7.37	12.78	12.67	19.29	6.75	15.68	21.46	16.26	5.40	8.64	15.12	15.27	12.78	26.57	10.02	16.93	15.15	10.76	23.78
12												3.66	2.02	1.24	14.33	6.37	1.51	3.75	1.74	6.99	0.50	3.12	7.22	5.85	2.09	0.61	2.45	7.89	3.94	11.27	3.18	5.12	2.09	2.70	13.75
13													3.47	5.02	14.38	6.57	5.92	4.41	3.51	12.55	2.81	7.17	9.37	8.50	3.47	4.92	5.18	10.52	3.15	15.24	2.21	15.20	7.95	1.90	15.58
14														2.66	9.68	9.61	2.61	4.58	3.16	11.91	3.07	6.29	10.24	10.92	5.84	4.55	3.76	13.34	5.64	17.30	5.15	6.57	4.57	4.32	17.53
15															13.02	10.04	3.77	5.87	2.44	7.78	1.57	5.19	9.52	9.12	4.86	1.70	4.01	11.80	6.69	13.34	5.00	5.09	2.76	5.01	17.31
16																18.58	16.45	8.37	9.56	14.10	16.85	11.59	14.68	17.00	19.32	16.66	11.11	20.75	11.59	19.03	12.77	15.28	11.87	11.87	22.79
17																	6.15	7.09	5.30	13.78	5.21	5.34	11.85	3.61	3.46	5.34	6.27	12.57	5.77	9.87	3.51	18.88	9.37	3.87	22.87
18																		7.29	3.29	10.95	2.20	6.29	11.49	9.32	4.22	2.78	4.23	13.22	7.07	17.43	6.47	7.47	5.42	5.31	20.59
19																			3.55	6.24	4.98	1.83	5.29	3.39	3.80	4.56	3.79	4.36	1.59	6.33	1.67	8.47	3.32	1.72	8.51
20																				5.44	1.84	2.83	4.44	5.48	4.25	1.90	1.12	8.23	2.25	10.35	3.14	8.68	2.86	1.56	12.92
21																					8.83	5.55	6.21	7.62	9.20	5.99	7.78	4.58	6.48	9.90	9.00	8.77	5.72	7.57	8.67
22																						3.87	7.71	5.79	1.73	0.56	2.67	9.10	4.08	11.44	2.74	8.30	3.26	2.40	15.56
23																							3.82	1.35	3.68	2.51	20.15	4.75	2.49	3.21	2.54	7.16	1.22	2.25	9.88
24																								6.36	9.70	6.84	2.69	4.28	2.38	8.25	7.31	12.72	4.43	3.86	4.10
25																									3.17	4.13	5.15	4.72	3.57	1.98	2.48	13.18	4.75	3.13	12.16
26																										1.75	5.44	6.66	3.99	8.72	1.44	11.02	5.27	2.47	15.17
27																											2.76	7.18	4.25	8.59	3.04	6.54	2.1	2.90	14.06
28																												7.98	2.20	9.04	4.05	8.29	1.86	1.85	11.02
29																													3.76	6.96	6.63	12.78	6.67	5.41	2.77
30																														7.69	2.02	12.42	4.34	0.40	6.83
31																															6.34	15.64	6.53	7.73	13.15
32																																12.31	4.66	0.93	13.30
33																																	3.34	11.95	16.60
34																																		3.95	10.37
35																																			9.96

1: BRS 1055, 2: Sint 10771-BRS 4107, 3: Sint 10717, 4: Sint 10795-BRS 4105, 5: UFVM100(HS) C1, 6: Potiguar-G13, 7: BRS Gorutuba, 8: CAPO, 9: BR5037-Cruzeta-G19, 10: HTC-SP1, 11: HTCms-CAPO, 12: HTC771, 13: HTC717, 14: HTC795, 15: HTC707, 16: HTC781, 17: HSmsxHTMV1, 18: HI (771xHTMV1), 19: PC0904, 20: IPR164, 21: PC0905, 22: HI (707xHTMV1), 23: HTC697, 24: Sint. Super Prec1, 25: BRS3046, 26: HTCms15672, 27: MC 50, 28: MC 20, 29: MC 60, 30: AL 2015, 31: AL AVARÉ, 32: 98CV02, 33: HIV 473451, 34: HIV 2564260, 35: BR2121QPM e 36: UFVM200(HS) C1. Variáveis: AP: Altura da Planta; DC: Diâmetro do colmo; PP: Peso de planta (kg); MFRE: Massa Fresca (kg); MS: Massa Seca (kg); IMS: Índice de Massa Seca e MFORRA: Massa de Forragem (kg MS/ha)

O estudo da relação das características altura de planta, diâmetro do colmo, peso de planta, massa seca, massa fresca e massa de forragem usando as distâncias generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) são apresentadas na Figura 4.

O dendrograma é uma árvore de grupos que demonstra como eles estão relacionados, neste dendrograma utilizamos o método UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic averages*), onde a distância entre os grupos é calculada pela média de todos os itens pertencentes aos grupos (VIALI, 2019). Além disso, este método é o mais utilizado para cultura do milho (CARGNELUTTI FILHO; GUADAGNIN, 2011). Foram formados três grupos, no grupo I estão os genótipos 29 e 36, já no grupo II os genótipos foram 32, 9, 15, 10, 18, 13, 22, 20, 21, 8, 34, 7, 4 e 27 no grupo III alocaram-se os genótipos 25, 5, 24, 12, 6, 1, 17, 14, 11, 28, 3, 31, 35, 33, 16, 30, 2, 26, 19 e 23.

De acordo com os dados da Tabela 10, a matriz de dissimilaridade e visto na Figura 4 demonstra que os genótipos 36 e 29 foram apontados como os mais dissimilares entre todos, confirmando o resultado da Tabela 10. A variabilidade genética nos programas de melhoramento gera maior heterozigose passível de seleção de genótipos superiores, por isso se torna tão necessário conhecer a divergência genética dos genitores a fim de se obter maior ganho com a seleção em possíveis cruzamentos.



**Figura 4** – Dendrograma representativo da dissimilaridade genética dos 36 genótipos de milho em relação às variáveis, Altura da Planta, Diâmetro do colmo, Peso de planta (kg), Massa Fresca (kg), Massa Seca (kg), Índice de Massa Seca e Massa de Forragem (kg MS/ha) pelo método vizinho mais próximo utilizando a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ).

1: BRS 1055, 2: Sint 10771-BRS 4107, 3: Sint 10717, 4: Sint 10795-BRS 4105, 5: UFVM100(HS) C1, 6: Potiguar-G13, 7: BRS Gorutuba, 8: CAPO, 9: BR5037-Cruzeta-G19, 10: HTC-SP1, 11: HTCms-CAPO, 12: HTC771, 13: HTC717, 14: HTC795, 15: HTC707, 16: HTC781, 17: HSmsxHTMV1, 18: HI (771xHTMV1), 19: PC0904, 20: IPR164, 21: PC0905, 22: HI (707xHTMV1), 23: HTC697, 24: Sint. Super Prec1, 25: BRS3046, 26: HTCms15672, 27: MC 50, 28: MC 20, 29: MC 60, 30: AL 2015, 31: AL AVARÉ, 32: 98CV02, 33: HIV 473451, 34: HIV 2564260, 35: BR2121QPM e 36: UFVM200(HS) C1

#### **4. Conclusões**

Indica-se a formação de pelo menos três blocos de cruzamentos:

Bloco I – MC 60 (29) e UFVM200(HS)C1 (36) com aptidão para massa seca e massa fresca;

Bloco II – Sint 10795-BRS 4105 (4), BRS Gorutuba (7), CAPO (8), BR5037-Cruzeta G19 (9), HTC-SP1 (10), HTC717 (13), HTC707 (15), HI(771xHTMV1) (18), IPR164 (20), PC0905 (21), HI(707xHTMV1) (22) e MC 50 (27) são indicados para formação deste bloco de cruzamento com aptidão de Índice de massa seca e massa de forragem;

Bloco III – BRS 1055 (1) , Sint 10771 – BRS 410 (2), Sint 10717 (3), UFVM100(HS)C1 (5), Potiguar-G13 (6), HTCms-CAPO (11), HTC771 (12), HTC795 (14), HTC781 (16), HSmsxHTMV1 (17), HTC697 (23), HTCms15672 (26), MC 20 (28) e HIV 473451 (33) para aptidão de altura de planta, diâmetro do colmo e peso de planta.

#### **5. Considerações Finais**

O programa de melhoramento para seleção de genótipos de milho deve ser prosseguido para poder haver a indicação dos genótipos que sejam responsivos as condições da região semiárida. Os dados deste trabalho condizem ao primeiro ano de experimento do programa, que deverá ser levado em consideração para fins comparação com os anos seguintes e assim formar uma população base para este programa.

## 6. Literatura Citada

- ALMEIDA, Ricardo Dias de; PELUZIO, Joênes Mucci; AFFÉRI, Flávio Sérgio. Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Estado Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 1, p.108-115, mar. 2011.
- ALVES, Bruna Mendonça et al. Divergência genética de milho transgênico em relação à produtividade de grãos e à qualidade nutricional. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 45, n. 5, p.884-891, maio 2015. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20140471>.
- BELEZE, Juliano Ricardo Fontanini et al. Avaliação de Cinco Híbridos de Milho (*Zea mays*, L.) em Diferentes Estádios de Maturação.: 1. Produtividade, Características Morfológicas e Correlações. **R. Bras. Zootec.**, [S.I.], v. 32, n. 3, p.529-537, 2003.
- CARGNELUTTI FILHO, Alberto; GUADAGNIN, José Paulo. Clustering pattern consistency of corn cultivars. **Ciência Rural**, v. 41, n. 9, p. 1503-1508, 2011.
- CARVALHO, Acir Felipe Grolli et al. Perfil agrônomo e bromatológico de silagem de milho no sudoeste do Paraná. **Revista de La Facultad de Agronomía**, La Plata, v. 114, n. 2, p.149-159, 15 out. 2015.
- CONAB – **Companhia Nacional de Abastecimento**. Acomp. safra bras. grãos - Safra 2017/18 - Quinto levantamento, Brasília, v.5, p. 1-140, 2018.
- CRUZ, Cosme Damião. GENES: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.
- CRUZ, Cosme Damião; FERREIRA, Fábio Medeiros; PESSONI, Luiz Alberto. Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética. **Visconde do Rio Branco: Suprema**, v. 620, 2011.
- CRUZ, José Carlos. **Cultivares de milho para silagem**. Congresso Nacional dos Estudantes de Zootecnia, Viçosa: Embrapa, 1998. 12 p.
- DUNIÈRE, L. et al. Silage processing and strategies to prevent persistence of undesirable microorganisms. **Animal Feed Science and Technology**. v.182, n. 1-4, p.1-15, 2013.
- FERNANDES, Gleidson França; EVANGELISTA, Amauri Felipe; BORGES, Laylson da Silva. Potencial de espécies forrageiras para produção de silagem: revisão de literatura. **Revista Eletrônica Nutritime**, [S.I.], v. 13, n. 3, p.4652-4656, jun. 2016.
- FERREIRA, Daniel Furtado. **Estatística Multivariada**. 2. ed. Lavras: UFLA, 2011.
- FERREIRA, João Paulo et al. Espaçamento de cultivo de milho forrageiro consorciado com forrageiras tropicais para produção de silagens. **Revista Agropecuária Técnica**, Areia, v. 38, n. 3, p.133-141, out. 2017.
- HALLAUER, Arnel R.; CARENA, Marcelo J.; MIRANDA FILHO, J. B de. **Quantitative genetics in maize breeding**. Springer Science & Business Media, 2010.
- MAHALANOBIS, P. C. On the generalized distance in statistics. **Proceedings National Institute of Science**, v. 12, p. 49-55, 1936.

MELO, Aurélio Vaz de et al. Avaliação bromatológica de silagem de híbridos de milho em diferentes níveis de adubação fosfatada. **Global Science And Technology**, Rio Verde, v. 11, n. 2, p.194-211, ago. 2018.

MELO, Aurélio Vaz de et al. Divergência genética entre híbridos de milho em condições de deficiência hídrica. **Revista de Agricultura Neotropical**, Cassilândia-MS, v. 6, n. 3, p. 66-75, jul./set. 2019. ISSN 2358-6303.

Milk Point. Especial Nordeste: você conhece alguma propriedade leiteira de destaque na região? **Milk Point**. Publicado em: 01/08/2019. Disponível em: <<https://www.milkpoint.com.br/noticias-e-mercado/giro-noticias/especial-nordeste-voce-conhece-alguma-propriedade-leiteira-de-destaque-na-regiao-215282/>>. Acesso em: 14/09/2019.

NARDINO, Maicon et al. Divergência genética entre genótipos de milho (*Zea mays* L.) em ambientes distintos. **Revista de Ciências Agrárias**, Lisboa, v. 40, n. 1, p.164-174, mar. 2017. Sociedade de Ciências Agrárias de Portugal. <http://dx.doi.org/10.19084/rca16013>.

NEUMANN, Mikael et al. Produção de forragem de milho em diferentes densidades de semeadura e épocas de colheita. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 16, n. 2, p. 204-216, 2017.

PEREIRA, João Ricardo Alves. **O mercado de silagem de milho no Brasil**. Portal Milk Point, 2013.

R Foundation. **R: the R project for statistical computing**. 2017. Disponível em: <https://www.r-project.org/>. Acesso em: 07/03/2019.

REIS, Renata M et al. Modelos de regressão não linear aplicados a grupos de acessos de alho. **Horticultura Brasileira**, [S.I.], v. 32, n. 2, p.178-183, jun. 2014. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/s0102-05362014000200010>.

SCAPIM, Carlos Alberto; DE CARVALHO, Claudio Guilherme Portela; CRUZ, Cosme Damião. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 30, n. 5, p. 683-686, 1995.

SILVA, Priscila Carvalho da. **Divergência genética entre linhagens parcialmente endogâmicas de milho pipoca por métodos multivariados e redes neurais artificiais**. 84 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Agronomia, Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados, 2018.

SIMÃO, Eduardo de Paula et al. Estratégias para produção de forragem utilizando milho, sorgo e milheto na região Central de Minas Gerais. **Embrapa Milho e Sorgo-Artigo em periódico indexado (ALICE)**, 2015.

SINGH, Daljit. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding (The)**, v. 41, n. 2, p. 237-245, 1981.

SOKAL, Robert R.; ROHLF, F. James. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, v. 11, n. 1, p. 30-40, 1962.

STRECK, Eduardo Anibele et al. Variabilidade fenotípica de genótipos de arroz irrigado via análise multivariada. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 1, p. 101-109, 2017.

VALENTINI, Lucia et al. **Comportamento de variedades de milho na região Norte Fluminense - Ano Agrícola 2017/2018**. 141. ed. Niterói: PESAGRO-RIO, 2018.

VALENTINI, Lucia et al. **Desempenho de variedades de milho em Campos dos Goytacazes-RJ Ano Agrícola 2016-2017**. 114. ed. Niterói: PESAGRO-RIO, 2017.

VIALI, Lorí. **Curso de Especialização em Estatística Aplicada**. Caxias do Sul: Universidade de Caxias do Sul, 2019.